

Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/JP04/018638

International filing date: 14 December 2004 (14.12.2004)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: JP
Number: 2003-419124
Filing date: 17 December 2003 (17.12.2003)

Date of receipt at the International Bureau: 20 January 2005 (20.01.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse

17.12.2004

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日 2 0 0 3 年 1 2 月 1 7 日
Date of Application:

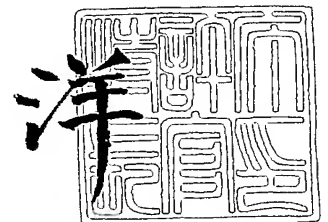
出 願 番 号 特 願 2 0 0 3 - 4 1 9 1 2 4
Application Number:
[ST. 10/C]: [J P 2 0 0 3 - 4 1 9 1 2 4]

出 願 人 サントリー株式会社
Applicant(s):

2 0 0 4 年 1 1 月 2 4 日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

小 川



出証番号 出証特 2 0 0 4 - 3 1 0 6 4 7 8

【書類名】 特許願
【整理番号】 P03-0099
【提出日】 平成15年12月17日
【あて先】 特許庁長官 殿
【国際特許分類】 A01H 1/00
C12N 15/05

【発明者】
【住所又は居所】 大阪府大阪市東成区大今里 4 丁目 1 6 - 5 3
【氏名】 松井 啓祐

【発明者】
【住所又は居所】 大阪府三島郡島本町江川 2 丁目 1 3 - 2 - 3 0 1
【氏名】 陳 任

【特許出願人】
【識別番号】 000001904
【氏名又は名称】 サントリー株式会社

【代理人】
【識別番号】 100080034
【弁理士】
【氏名又は名称】 原 謙三
【電話番号】 06-6351-4384

【選任した代理人】
【識別番号】 100113701
【弁理士】
【氏名又は名称】 木島 隆一

【選任した代理人】
【識別番号】 100116241
【弁理士】
【氏名又は名称】 金子 一郎

【手数料の表示】
【予納台帳番号】 003229
【納付金額】 21,000円

【その他】 国等の委託研究の成果に係る特許出願（平成15年度新エネルギー・産業技術総合開発機構生物機能活用型循環産業システム創造プログラム／植物機能改変技術実用化開発委託研究、産業活力再生特別措置法第30条の適用を受けるもの）

【提出物件の目録】
【物件名】 特許請求の範囲 1
【物件名】 明細書 1
【物件名】 図面 1
【物件名】 要約書 1

【書類名】 特許請求の範囲**【請求項 1】**

アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素を植物体に導入し、アラキドン酸を生産させるアラキドン酸生産工程を含む植物体の生産方法により得られることを特徴とするアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 2】

上記アラキドン酸生産工程は、上記アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子を含む組換え発現ベクターを、植物細胞に導入する形質転換工程を含むことを特徴とする請求項 1 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 3】

さらに、上記アラキドン酸生産工程は、上記組換え発現ベクターを構築する組換え発現ベクター構築工程を含んでいることを特徴とする請求項 2 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 4】

上記組換え発現ベクター構築工程には、ダイズ種子特異的プロモーターの下流領域に、アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子を連結する工程が含まれることを特徴とする請求項 3 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 5】

上記アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素が、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、および $\Delta 5$ 不飽和化酵素であることを特徴とする請求項 1～4 のいずれか 1 項に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 6】

上記 $\Delta 6$ 不飽和化酵素が、以下の (a) または (b) 記載のタンパク質であることを特徴とする請求項 5 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

(a) 配列番号 1 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号 1 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなり、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 6$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質。

【請求項 7】

上記 $\Delta 6$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子として、以下の (c) または (d) 記載の遺伝子が用いられることを特徴とする請求項 5 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

(c) 配列番号 2 に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム領域として有する遺伝子。

(d) 配列番号 2 に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 6$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

【請求項 8】

上記脂肪酸鎖長延長酵素が、以下の (e) または (f) 記載のタンパク質であることを特徴とする請求項 5 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

(e) 配列番号 3 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(f) 配列番号 3 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなり、脂肪族モノカルボン酸の炭素鎖の延長反応を触媒する機能を有するタンパク質。

【請求項 9】

上記脂肪酸鎖長延長酵素をコードする遺伝子として、以下の (g) 又は (h) 記載の遺伝子が用いられることを特徴とする請求項 5 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

(g) 配列番号 4 に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム領域として有する遺伝子。

(h) 配列番号 4 に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の炭素鎖の

延長反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

【請求項 10】

上記 Δ 5 不飽和化酵素が、以下の (i) または (j) 記載のタンパク質であることを特徴とする請求項 5 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

(i) 配列番号 5 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(j) 配列番号 5 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなり、脂肪族モノカルボン酸の Δ 5 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質。

【請求項 11】

上記 Δ 5 不飽和化酵素をコードする遺伝子として、以下の (k) または (l) 記載の遺伝子が用いられることを特徴とする請求項 5 に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

(k) 配列番号 6 に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム領域として有する遺伝子。

(l) 配列番号 6 に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の Δ 5 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

【請求項 12】

上記アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素または該酵素をコードする遺伝子は、モルティエラ (Mortierella) 属由来であることを特徴とする請求項 1～11 のいずれか 1 項にアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 13】

上記アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素または該酵素をコードする遺伝子は、モルティエラ アルピナ (Mortierella alpina) 由来であることを特徴とする請求項 1～12 のいずれか 1 項にアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 14】

上記アラキドン酸生産工程には、宿主の Δ 15 不飽和化酵素の発現を抑制する発現抑制工程が含まれることを特徴とする請求項 1～13 のいずれか 1 項に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 15】

上記発現抑制工程は、RNAi 法によって Δ 15 不飽和化酵素の発現を抑制する工程であることを特徴とする請求項 1～14 のいずれか 1 項に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 16】

上記ダイズには、細胞、組織、カルス、種子、成育した植物個体、もしくは該植物個体と同じ性質を有する植物個体の子孫が含まれることを特徴とする請求項 1～15 のいずれか 1 項に記載のアラキドン酸含有ダイズ。

【請求項 17】

請求項 1～16 のいずれか 1 項に記載のアラキドン酸含有ダイズから得られることを特徴とするアラキドン酸。

【請求項 18】

請求項 17 に記載のアラキドン酸を含んでいることを特徴とする組成物。

【請求項 19】

請求項 18 に記載の組成物を含んでいることを特徴とする食品。

【請求項 20】

請求項 1～16 のいずれか 1 項に記載のアラキドン酸を含有するダイズを作製するためのキットであって、

アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子と、プロモーターを含む組換え発現ベクターを少なくとも含んでいることを特徴とするアラキドン酸含有ダイズ作製キット。

【請求項 21】

さらに、上記組換え発現ベクターを植物細胞に導入するための試薬群を含んでいること

を特徴とする請求項 2 0 に記載のアラキドン酸含有ダイズ作製キット。

【書類名】明細書

【発明の名称】アラキドン酸を含有するダイズおよびその利用

【技術分野】

【0001】

本発明は、アラキドン酸を含有するダイズ（大豆、*Glycine max*）およびその利用に関するものであり、特にアラキドン酸の合成系に関与する酵素の遺伝子を導入するアラキドン酸を含有する植物体の生産方法を用いて得られるダイズ、およびその利用に関するものである。

【背景技術】

【0002】

脂肪酸は、生物にとっての三大栄養素の一つである脂質の主成分で、通常は天然の脂質の加水分解物である脂肪族モノカルボン酸を指すことが多い。一般的に、脂肪族鎖が飽和の場合は飽和脂肪酸と称し、二重結合または三重結合を含む場合は不飽和脂肪酸と称する。鎖長によって短鎖（炭素数2～4）、中鎖（炭素数5～14）、長鎖（炭素数16～18）、超長鎖（炭素数20以上）と分類され、炭素数を n 、二重結合の数を m とした場合、 $C_n:m$ と記述されることが多い。

【0003】

このような脂肪酸は、植物においても細胞膜の主成分であるとともに、エネルギー源として、主にトリグリセリドの形で種子や果実に蓄積される重要な成分である。また、植物に蓄積される脂質の量や脂肪酸組成は、植物の種類によって異なる。このような植物に蓄積される脂肪酸としては、例えば、炭素数16（ C_{16} ）の飽和脂肪酸のパルミチン酸（ $C_{16}:0$ ）、炭素数18（ C_{18} ）の飽和脂肪酸のステアリン酸（ $C_{18}:0$ ）や、炭素数18（ C_{18} ）の不飽和脂肪酸として、以下順に1、2、3個の二重結合（不飽和結合）を有するオレイン酸（ $C_{18}:1$ ）、リノール酸（ $C_{18}:2$ ）、 α -リノレン酸（ $C_{18}:3\alpha$ ）が主なものとして知られており、これら脂肪酸を比較的多く含む、ダイズ、アブラヤシ、ヒマワリ、ナタネ、ココヤシなどが油脂原料植物（油糧植物とも称される）として栽培されている。なお、炭素数が18以上で不飽和結合（二重結合または三重結合）を2個所以上もつ脂肪酸を総称して高度不飽和脂肪酸（ポリアンサチュレーテッドファッティーマシド（PUFA: Poly Unsaturated Fatty Acid））と呼ばれている。

【0004】

ところで、高等動物は、一般にリノール酸や α -リノレン酸を合成する不飽和化酵素を有しないため、必ず植物（植物性食品）から上記PUFAを摂取する必要がある、それゆえ、リノール酸や α -リノレン酸は必須脂肪酸と呼ばれる。高等動物の体内では、これらの不飽和脂肪酸を基質として、さらに不飽和化と炭素鎖の伸長が繰り返され、ジホモγ-リノレン酸、アラキドン酸（ $C_{20}:4n-6$ ）、エイコサペンタエン酸（EPA）（ $C_{20}:5n-3$ ）、ドコサヘキサエン酸（DHA）（ $C_{22}:6n-3$ ）などが合成される。

【0005】

これらPUFAは、高等動物の体内での代謝において様々な機能を示すほか、プロスタグランジン類の直接の前駆体としても重要な役割を果たすことが知られている。特に、老人や乳児などでは、ジホモγ-リノレン酸、アラキドン酸、EPA、DHA等の生合成能が低下しているため、食物からの摂取が必要とされる。特にアラキドン酸は、老人性痴呆症の改善効果もあることが知られており、アラキドン酸を主成分とする健康食品も市販されており、アラキドン酸に対する需要が拡大している。

【0006】

このアラキドン酸は、魚油に比較的多く含まれ、現在も一部は魚油からの抽出によって供給されている。しかし、魚資源の枯渇、供給量の変動や環境汚染による油脂資源の汚染なども問題になっているため、近年では生産性の制御、長期の安定供給、清浄性などに優れ、精製が比較的容易なモルティエラ（*Mortierella*）などの微生物発酵により、アラキドン酸の生産が行われている（非特許文献1参照）。しかしながら現状では生産コストが

高い、スケールアップに設備投資が必要である、スケールアップが容易ではないといった多くの問題点が指摘されている。

【0007】

このため、これらのPUFA、とりわけアラキドン酸を油糧植物で作ることができれば、生産過程の大幅な効率化とコストダウンが期待できる。近年、PUFA生合成に必須の不飽和化酵素や鎖長延長酵素遺伝子が動植物、カビや酵母から相次いで単離され、これらの遺伝子を高等植物へ導入することによって高等植物でのPUFA生産が可能と考えられている。

【0008】

実際に遺伝子組換えによって、植物に含まれる油脂の組成を改変した例として、(i)ラウリン酸生産ナタネ（ラウリン酸を比較的多く含む月桂樹から、C12:0-ACP（アシルキャリアプロテイン）に特異的に作用し、ラウリン酸を遊離する中鎖アシル-ACPチオエステラーゼ遺伝子をナタネの種子貯蔵タンパク質であるナピン遺伝子のプロモーターに連結しナタネに導入したもの：非特許文献2参照）、(ii)高ステアリン酸含有ナタネ（C18:0-ACP不飽和化酵素遺伝子の発現をアンチセンス遺伝子の導入により抑制し、ステアリン酸含有量を40%に高めた組換え体ナタネ：非特許文献3参照）、(iii)高エルカ酸（C22:1）ナタネ（酵母のLPAAT遺伝子を導入することにより、エルカ酸含有量を90%にまで高めたナタネ：非特許文献4参照）、(iv)高オレイン酸生産ダイズ（ダイズ種子で発現している $\Delta 12$ 不飽和化酵素遺伝子Fad2の発現を抑制することにより、オレイン酸からリノール酸への合成経路を抑制した結果、オレイン酸含有量が約23%から80%程度にまで高まったダイズ。なお、Fad2を制御するプロモーターとしては、ダイズ種子貯蔵タンパク質である β -コングリシニン遺伝子由来のものが用いられた。）、(v) γ -リノレン酸生産ナタネ（ルリチシャから単離された $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子を導入したナタネ：非特許文献5）などが作製されている。また、ケイ藻由来の $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子と $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子とヒメツリガネゴケ由来の鎖長延長酵素遺伝子とをアマで発現させ、アラキドン酸およびEPAが生産された報告がある（非特許文献6参照）。

【0009】

また、高度不飽和脂肪酸を生産するダイズを生産すべく、高度不飽和脂肪酸生産菌モルティエラから単離した $\Delta 6$ 不飽和化酵素、鎖長延長酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素のcDNAを様々なプロモーターに連結し、遺伝子導入を行う試みも報告されている（例えば、非特許文献11、12参照）。なお、ここで記述した内容は、特段に述べない限り、非特許文献7または非特許文献8に依った。

【非特許文献1】Appl. Microbiol. Biotechnol., 31, p11 (1987)

【非特許文献2】Science, 257, p72 (1992)

【非特許文献3】Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A., 89, p2624(1992)

【非特許文献4】Plant Cell, 9, p909 (1997)

【非特許文献5】Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A., 94, p4211 (1997)

【非特許文献6】J. Biol. Chem. 278, p35115, (2003)

【非特許文献7】「植物代謝工学」エヌ・ティー・エス社2002年（ISBN4-86043-004-2C3045）p574-586

【非特許文献8】J. Plant Physiol. 160, p779 (2003)

【非特許文献9】Bio/Technology 11 p194, 1993

【非特許文献10】Proc Natl Acad Sci U S A. 96 p 12929(1999)

【非特許文献11】平成14年度「植物利用エネルギー使用合理化生産技術の研究開発成果報告書」

【非特許文献12】田中良和著、地球環境・食糧・資源のための植物バイオ第160委員会 第8回研究会資料（日本学術振興会）、p14-16、平成15年6月13日開催

【非特許文献13】Santarem ER and Finer JJ (1999)、In Vitro Cell. Dev. Biol.

-Plant 35: 451-455

【発明の開示】

【発明が解決しようとする課題】

【0010】

しかしながら、アラキドン酸を植物体に生産させることを報告した上記非特許文献6の記載は、明確ではなく、その開示は十分とはいえない。

【0011】

より詳細には、植物体に異種生物の遺伝子を導入し、油脂の組成や質を改変する場合は、炭素鎖長の決定に関与する酵素の遺伝子や、二重結合の数・位置を決定する不飽和化酵素の遺伝子の発現制御を行う必要がある。また、本来その植物がもたない脂肪酸を生産する場合は、当該脂肪酸が宿主植物の生育に悪影響を及ぼすことがないように、脂肪酸合成の時期、部位、細胞内での存在形態などを考慮することが必要となる。

【0012】

さらに、植物において異種生物とくに植物以外の遺伝子を発現させる場合には、転写産物がプロセシングされる場合があり、このような場合には、例えば、コドンの改変を行うなどの処理を必要がある（非特許文献9参照）。

【0013】

また、一連の生合成反応に関わる酵素は細胞内で複合体を形成しており、その代謝物は分子チャネルを経て代謝される場合があるとされている（非特許文献10参照）。このような場合、たとえ生合成に関わる酵素の遺伝子が公知であって、遺伝子の導入方法が公知であっても、導入した異種遺伝子由来の遺伝子によって生産された酵素が、宿主植物においてどの程度うまく機能し、目的の物質を生産できるか否かの予測は非常に困難である。

【0014】

しかし、上記非特許文献6には、これらの問題点については全く記載されておらず、その開示は不十分といわざるを得ない。以上のように、脂肪酸生合成については未知な部分が多く、さらに異種生物、例えばモルティエラの脂肪酸生合成遺伝子の転写・翻訳がダイズにおいて効率よく起こるかどうかが、これらの遺伝子がコードする酵素がダイズの中で良好に機能するかどうかが、これらの酵素がダイズの脂質合成酵素群と細胞内で協調して機能できるか、脂肪酸の蓄積にはトリグリセリドの形でオイルボディーとなることが必要であるがアラキドン酸が合成されてもそれが蓄積されるかどうか等は未知数である。つまり、異種生物の遺伝子を植物に導入し、アラキドン酸を生産させるためには、相当な試行錯誤が必要であるといえる。

【0015】

また、マメ科植物、とくにダイズは遺伝子導入による形質転換の困難性が指摘されており、ダイズの形質転換についての情報量も少ない。数件の報告例によるとダイズにおける形質転換効率、再生効率は極めて低く、形質転換可能な品種も限定されている（非特許文献13）。このため、(i)遺伝子導入の困難なダイズの形質転換系の開発が必要であり、(ii)さらに、高度不飽和脂肪酸合成に必要な複数の遺伝子を安定に発現させる多重遺伝子安定発現系の開発も必要となる。加えて、(iii)異種生物由来の遺伝子産物（脂肪酸合成に関与する酵素）が実際にダイズにおいてタンパク質レベルで発現し、酵素活性を有するか否か、つまり形質転換ダイズの脂質組成が変化するか否かを確認する必要もある。

【0016】

このように、ダイズにて高度不飽和脂肪酸を生産させることは極めて困難な技術であり、多段階の技術の開発が必要とされる。それゆえ、上記非特許文献11、12での報告においても、高度不飽和脂肪酸を生産する形質転換ダイズ（植物体）は未だ得られていない。

【0017】

したがって、上記種々の問題点を解決すべく試行錯誤を重ねて、実際に異種生物由来の遺伝子を植物に導入し、DNAレベルでの発現だけでなく、タンパク質レベルでの酵素発現、および酵素の機能確認を行い、現実にはアラキドン酸を含有するダイズを生産すること

が強く求められている。

【0018】

本発明は、上記の問題点に鑑みてなされたものであり、その目的は、アラキドン酸を含有するダイズおよびその利用法を提供することにある。

【課題を解決するための手段】

【0019】

本発明者らは、上記の課題に鑑み鋭意検討した結果、モルティエラ由来の $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の3種の遺伝子をダイズ種子特異的プロモーターの下流に連結し、さらにターミネーターを付加して、同一のベクター上に配置した組換え発現ベクターを作製し、これをダイズ胚に導入することにより、形質転換ダイズを作製したところ、はじめて異種生物由来の遺伝子産物がダイズ内にてタンパク質レベルで発現されるとともに、酵素の機能をも発揮し、アラキドン酸が生産されることを明らかにし、当該形質転換ダイズがアラキドン酸を含有することを独自に見出し、本発明を完成させるに至った。

【0020】

すなわち、本発明に係るアラキドン酸含有ダイズは、上記課題を解決するために、アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素を植物体に導入し、アラキドン酸を生産させるアラキドン酸生産工程を含む植物体の生産方法により得られることを特徴としている。

【0021】

また、上記アラキドン酸生産工程は、上記アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子を含む組換え発現ベクターを、植物細胞に導入する形質転換工程を含むことが好ましい。

【0022】

さらに、上記アラキドン酸生産工程は、上記組換え発現ベクターを構築する組換え発現ベクター構築工程を含んでいることが好ましい。

【0023】

また、上記組換え発現ベクター構築工程には、ダイズ種子特異的プロモーターの下流領域に、アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子を連結する工程が含まれることが好ましい。

【0024】

また、上記アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素が、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、および $\Delta 5$ 不飽和化酵素であることが好ましい。

【0025】

また、上記 $\Delta 6$ 不飽和化酵素が、以下の(a)または(b)記載のタンパク質であることが好ましい。

(a) 配列番号1に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1に示されるアミノ酸配列において、1個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなり、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 6$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質。

【0026】

また、上記 $\Delta 6$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子として、以下の(c)または(d)記載の遺伝子が用いられることが好ましい。

(c) 配列番号2に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム領域として有する遺伝子。

(d) 配列番号2に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 6$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

【0027】

また、上記脂肪酸鎖長延長酵素が、以下の(e)または(f)記載のタンパク質であることが好ましい。

(e) 配列番号 3 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(f) 配列番号 3 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなり、脂肪族モノカルボン酸の炭素鎖の延長反応を触媒する機能を有するタンパク質。

【0028】

また、上記脂肪酸鎖長延長酵素をコードする遺伝子として、以下の (g) 又は (h) 記載の遺伝子が用いられることが好ましい。

(g) 配列番号 4 に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム領域として有する遺伝子。

(h) 配列番号 4 に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の炭素鎖の延長反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

【0029】

また、上記 $\Delta 5$ 不飽和化酵素が、以下の (i) または (j) 記載のタンパク質であることが好ましい。

(i) 配列番号 5 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(j) 配列番号 5 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなり、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 5$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質。

【0030】

また、上記 $\Delta 5$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子として、以下の (k) または (l) 記載の遺伝子が用いられることが好ましい。

(k) 配列番号 6 に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム領域として有する遺伝子。

(l) 配列番号 6 に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 5$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

【0031】

上記アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素または該酵素をコードする遺伝子は、モルティエラ (*Mortierella*) 属由来であることが好ましい。特に、上記アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素または該酵素をコードする遺伝子は、モルティエラ アルピナ (*Mortierella alpina*) 由来であることが好ましい。

【0032】

また、上記アラキドン酸生産工程には、宿主の $\Delta 15$ 不飽和化酵素の発現を抑制する発現抑制工程が含まれることが好ましい。

【0033】

さらに、上記発現抑制工程は、RNA i 法によって $\Delta 15$ 不飽和化酵素の発現を抑制する工程であることがより好ましい。

【0034】

また、上記いずれかの油脂原料植物体により生産されるアラキドン酸を含有した植物体も本発明に含まれる。なお、上記植物体には、植物細胞、植物組織、カルス、種子、育成した植物個体、もしくは該植物個体と同じ性質を有する植物個体の子孫が含まれることが好ましい。

【0035】

また、上記アラキドン酸含有ダイズから得られるアラキドン酸も本発明に含まれる。また、上記アラキドン酸を含んでいる組成物も本発明に含まれる。また、上記組成物を含んでいる食品も本発明に含まれる。また、上記いずれかのアラキドン酸含有ダイズを作製するためのキットであって、アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子と、プロモーターとを含む組換え発現ベクターを少なくとも含んでいることを特徴としている。さらに、上記組換え発現ベクターを植物細胞に導入するための試薬群を含んで

いることが好ましい。

【発明の効果】

【0036】

本発明を完成させるために、本発明者らは、試行錯誤を重ねて、実際に異種生物由来の遺伝子を植物体に導入し、アラキドン酸を含有する油脂原料植物体、特にダイズを生産することに成功している。これは従来の知見から容易になし得ることではない。

【0037】

以上のように、本発明に係るアラキドン酸含有ダイズは、アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素を植物体に導入する構成を備えているので、ダイズにアラキドン酸を生産させることができる。それゆえ、アラキドン酸を含有するダイズを容易に取得することができるという効果を奏する。すなわち、本発明により、アラキドン酸をダイズで作製することができるため、アラキドン酸を魚油や微生物から取得する場合に比べて、生産過程の大幅な効率化とコストダウンが可能となるだけでなく、アラキドン酸の大量生産・取得が可能になるという効果を奏する。

【0038】

アラキドン酸はヒトをはじめとする高等動物にとって必須の脂肪酸であって、健康食品や医薬品への応用が進められており、その需要が増加しているが、本発明によれば、このようなアラキドン酸の需要量の増加要求にも応えることができる。

【発明を実施するための最良の形態】

【0039】

本発明は、高等動物にとって必須脂肪酸のPUFAの1つであるアラキドン酸を含有するアラキドン酸ダイズを生産するための生産方法によって得られるダイズ、およびこれらの利用に関するものである。このため、本発明の詳細な説明に入る前に、高等植物における脂質生合成についての基本的な知見について簡単に説明する。

【0040】

高等植物の有する主要脂質は、主にC16またはC18で、1～3個所に不飽和結合を有する構造をしている。これらの脂肪酸の大部分は、葉緑体などのプラスチド内で、アセチル-CoAを最初の基質として合成される。最初の反応はアセチル-CoAと二酸化炭素からマロニル-CoAを合成する反応で、アセチル-CoAカルボキシラーゼ (ACCase) によって行われる。本反応が、高等植物における油脂生合成の律速反応の1つであり、油脂生産量に影響を及ぼすと考えられており、ACCase遺伝子の過剰発現によってナタネの総油脂量が5%増加したという報告もある (Plant Physiol., 113, p75-81 (1997))。

【0041】

マロニル-CoAのマロニル基は、この後ACPに転移され、マロニル-ACPとなった後、脂肪酸合成酵素複合体の酵素によって縮合、還元、脱水、還元という一連の反応を繰り返すことで炭素鎖が2つずつ伸長し、最終的にはC16:0-ACPやC18:0-ACPが生成する。このC18:0-ACPの大部分はプラスチドに局在するC18:0-ACP不飽和化酵素によって、 $\Delta 9$ 位 (カルボキシ末端の炭素から数えて9番目の炭素) に最初の不飽和結合が導入される。

【0042】

このようにして生じたC18:1-ACPの一部は、プラスチド内でのグリセロ脂質合成に使われるが、残りはチオエステラーゼの作用でACPから外され、CoAエステルとなってプラスチドから出たのち、小胞体でのグリセロ脂質生合成に用いられる。つまりグリセロ脂質の生合成は葉緑体と葉緑体外 (おもに小胞体) で並行して行われ、葉緑体の系は原核生物型経路、葉緑体外の経路は真核生物型経路と呼ばれる。

【0043】

これらの両経路とも、アシル基転移酵素によってアシル基がグリセロール3リン酸 (G3P) のsn-1位、sn-2位に順次転移し、極性頭部が変換されることによって、ホスファチジルコリン (PC) やホスファチジルグリセロール (PG) など種々のグリセロ脂質となる。真核生物型経路で合成されたPCなどの脂質は、膜の主要構成成分となる他

、sn-3 位に 3 つめのアシル基が転移して、貯蔵脂質の主成分であるトリアシルグリセロール (TAG) となる。

【0044】

ダイズをはじめとした植物の生体膜は、一般にリノール酸や α -リノレン酸を高い比率で含んでいる。高等植物は、共通して 18:0-ACP 不飽和化酵素、 Δ 12 不飽和化酵素、 Δ 3 不飽和化酵素を有する。18:0-ACP 不飽和化酵素がプラスチドに局在するのに対して、 Δ 12 不飽和化酵素、 Δ 3 不飽和化酵素は、それぞれプラスチド局在型と ER 局在型の少なくとも 2 つのアイソザイムが存在することが知られている。さらに限られた種類の植物は、特殊な不飽和化酵素遺伝子を有する。例えば、月見草やルリチシャの Δ 6 不飽和化酵素は、リノール酸から γ -リノレン酸を生成し、リムナンテス (*Limnanthes douglasii*) の Δ 5 不飽和化酵素は C20:1 (Δ 5) の合成に関与する。

【0045】

植物に含まれる大部分の脂肪酸は C16 または C18 であるが、植物は体表面を覆うワックスの主成分として、また細胞膜や液胞膜に多く含まれるスフィンゴ脂質の成分として、C20 以上の超長鎖脂肪酸を必要とする。また、一部の植物は、かなりの割合で C20 や C22 の超長鎖脂肪酸を貯蔵脂質として含有する。この超長鎖脂肪酸の合成経路は、脂肪酸合成酵素複合体による新規脂肪酸合成と類似しており、縮合、還元、脱水、還元からなる 1 サイクルで C2 ユニット毎の鎖長の伸長が行われる。このため、上述したように、超長鎖脂肪酸の合成経路においても、既存のアシル基とマロニル-CoA との縮合反応が鎖長延長の律速反応と考えられる。

【0046】

また、新規脂肪酸合成では ACP に結合したアシル基に対して鎖長伸長が行われたが、超長鎖脂肪酸合成経路では、鎖長延長には ACP を必要としない。近年、シロイヌナズナやホホバ (*Simmondsia chinensis*) から鎖長延長反応の最初の縮合反応をになう酵素遺伝子、FAE1 (*Plant Cell*, 7, p309 (1995)) や KCS 遺伝子 (*Plant Cell*, 8, p281 (1996)) が得られ、C20 以上の飽和脂肪酸合成に関与していることが示された。なお、酵母や動物、カビなどで報告されている ELO ファミリーの脂肪酸鎖長延長酵素 (*J. Biol. Chem.*, 271, p18413 (1996)、*J. Biol. Chem.*, 272, p17376 (1997)) と植物の FAE1/KCS ファミリーの鎖長延長酵素は一次配列の上で全く類似性を持たない。

【0047】

また、貯蔵脂質の大部分は TAG である。この TAG は、細胞質から供給される G3P が順次アシル化されて生成する。この TAG における 3 つのアシル基は、それぞれ別のアシル基転移酵素によってグリセロール骨格に転移されるが、このうち sn-2 位へのアシル基転移をになうリソフォスファチジン酸アシル基転移酵素 (LPAT) には一般に高い基質特異性があり、このことが貯蔵脂質の脂肪酸組成を決定する 1 つの要因となっていると考えられている。

【0048】

また、TAG は、前項で述べた真核生物型経路で合成される主要脂質である PC をもとにした経路でも生成される。この TAG は、滑面小胞体の膜状で合成され、脂質二重膜の間に蓄積される。TAG を蓄積して膨らんだ部分は、やがてオイルボディーとよばれる脂質一重膜に囲まれた球状体として小胞体から遊離する。植物によっては、C16、C18 よりも短い、あるいは長い中鎖・超長鎖脂肪酸や、水酸化やエポキシ化された特殊な脂肪酸を多量に生成するものがあるが、これらの特殊な脂肪酸はほとんどが TAG の形で存在する。どのような機構によって、このような制御が行われているかは現在のところ明確ではないが、高い基質特異性を有するホスホリパーゼやアシル基転移酵素の存在などが示唆されている。このことは、本来その植物が持たない脂肪酸を高レベルで生産させる場合に結果を予測できなくさせている要因の 1 つである。以上の知見を踏まえつつ、本発明について説明する。

【0049】

本発明は、アラキドン酸を含有する油脂原料植物体およびその利用に関するものである

。本発明によって得られる油脂原料植物体では、アラキドン酸が生産されるため、アラキドン酸を含有する油脂原料植物体を生産することができる。以下の説明では、本発明にかかるアラキドン酸を含有した油脂原料植物体（説明の便宜上、アラキドン酸含有植物体と称する場合もある）の生産方法について説明し、これにより得られる油脂原料植物体、およびその利用について順に説明する。

【0050】

〔1〕アラキドン酸含有植物体の生産方法

本発明に係るアラキドン酸ダイズの生産方法は、アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素を植物体に導入することにより、アラキドン酸を生産させるアラキドン酸生産工程を含むものであればよく、その他の具体的な工程、条件、材料などは特に限定されるものではない。まず、「脂肪酸合成に関与する酵素」について説明する。

【0051】

〔1-1〕脂肪酸合成に関与する酵素

本発明に用いられる脂肪酸合成酵素としては、例えば、アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素のうち、宿主となる植物体に存在しない脂肪酸合成酵素を挙げることができる。より詳細には、高等植物は、一般的にステアリン酸からリノール酸または α -リノレン酸を生合成する酵素群を有しているため、リノール酸または α -リノレン酸からアラキドン酸を生合成するために必要な酵素である。これらの酵素としては、具体的には、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素（以下、単に鎖長延長酵素と称する場合もある）、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の3種類の酵素を挙げることができる。

【0052】

ここで、「 $\Delta 6$ 不飽和化酵素」とは、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 6$ 位（カルボキシ末端の炭素から数えて6番目の炭素）に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質をいう。「脂肪酸鎖長延長酵素」とは、脂肪族モノカルボン酸の炭素鎖を延長する反応を触媒する機能を有するタンパク質をいう。「 $\Delta 5$ 不飽和化酵素」とは、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 5$ 位（カルボキシ末端の炭素から数えて5番目の炭素）に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質をいう。なお、ここでいう「不飽和結合」とは炭素-炭素二重結合（ $C=C$ ）のことである。例えば、高等植物のダイズ（*Glycine max*）において、アラキドン酸を生産させるためには、上記3種類の脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子を構成的あるいは種子特異的プロモーターに連結し導入すればよい。

【0053】

また、高等動物ではステアリン酸からミード酸（ $C20:3$ ）に至る $n-9$ 経路は存在するが、リノール酸や α -リノレン酸は合成できないため、これらを植物油から摂取する必要がある。一方、モルティエラ属（*Mortierella*）などの一部の真菌類や線虫などの下等動物は、高等植物と高等動物の両方の経路を併せもち、アラキドン酸やEPAを生産できる。

【0054】

したがって、上記 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の3種類の酵素は、高等動物またはモルティエラなどの微生物由来のものを利用することができる。なかでも、モルティエラ属の糸状菌は高度不飽和脂肪酸の発酵生産に利用されており、その生合成系の研究も進んでいる。特に、モルティエラ アルピナ（*Mortierella alpina*）は、リノール酸や α -リノレン酸などを經由してアラキドン酸を蓄積する $n-6$ 系生合成経路を主要経路として有する。なお、モルティエラ アルピナにおけるアラキドン酸生合成経路において、リノール酸や α -リノレン酸の生合成経路は、高等植物と同様である。一方、リノール酸からアラキドン酸が合成される経路では、まず、リノール酸が $\Delta 6$ 不飽和化酵素により γ -リノレン酸が生成され、次いで、脂肪酸鎖長延長酵素（GLELO）によりジホモ γ -リノレン酸が生成され、続いて $\Delta 5$ 不飽和化酵素によりアラキドン酸へと変換される。

【0055】

また、モルティエラ アルピナから、ステアリン酸からアラキドン酸にいたる生合成経

路に関わるすべての酵素をコードする遺伝子が既に単離されている。 $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子 (J Biol Chem. 273, p19055(1998)) および $\Delta 6$ 不飽和化酵素による生成物である γ -リノレン酸やステアリドン酸 (C18:4) に特異的に作用する脂肪酸鎖長延長酵素の遺伝子 (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 97, p8284 (2000)) は、本菌から最初に単離された。なお、脂肪酸の鎖長延長は縮合、水酸化、脱水、還元 of 4 つの反応によるが、基質特異性を示すのは最初の縮合反応であるといわれている。

【0056】

このモルティエラ アルピナ由来の $\Delta 6$ 不飽和化酵素は、配列番号 1 に示されるアミノ酸配列を有するタンパク質であり、脂肪酸モノカルボン酸の $\Delta 6$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒することが知られている。また、本発明で用いられる $\Delta 6$ 不飽和化酵素としては、配列番号 1 に示されるアミノ酸配列を有する $\Delta 6$ 不飽和化酵素に限定されるものではなく、脂肪酸モノカルボン酸の $\Delta 6$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質であればよい。具体的には、配列番号 1 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなるタンパク質であっても、上記機能を有していれば本発明にて用いることができる。なお、本発明でいう「配列番号 1 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列」における「1 個又は数個」の範囲は特に限定されないが、例えば、1 個～20 個、好ましくは 1 個～10 個、より好ましくは 1 個～7 個、さらに好ましくは 1 個～5 個、特に好ましくは 1 個～3 個を意味する。

【0057】

上記アミノ酸の欠失、置換若しくは付加は、上記ペプチドをコードする塩基配列を、当該技術分野で公知の手法によって改変することによって行うことができる。塩基配列に変異を導入するには、Kunkel 法または Gapped duplex 法等の公知手法又はこれに準ずる方法により行うことができ、例えば部位特異的突然変異誘発法を利用した変異導入用キット（例えば Mutant-K や Mutant-G (何れも商品名、TAKARA 社製)）等を用いて、あるいは LA PCR in vitro Mutagenesis シリーズキット（商品名、TAKARA 社製）を用いて変異が導入される。

【0058】

また、モルティエラ アルピナ由来の脂肪酸鎖長延長酵素は、配列番号 3 に示されるアミノ酸配列を有するタンパク質であり、脂肪酸モノカルボン酸の脂肪酸鎖長を延長する反応を触媒することが知られている。また、本発明で用いられる脂肪酸鎖長延長酵素としては、配列番号 3 に示されるアミノ酸配列を有する脂肪酸鎖長延長酵素に限定されるものではなく、脂肪酸モノカルボン酸の脂肪酸鎖長を延長する反応を触媒する機能を有するタンパク質であればよい。具体的には、配列番号 3 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなるタンパク質であっても、上記機能を有していれば本発明にて用いることができる。

【0059】

また、モルティエラ アルピナ由来の $\Delta 5$ 不飽和化酵素は、配列番号 5 に示されるアミノ酸配列を有するタンパク質であり、脂肪酸モノカルボン酸の $\Delta 5$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒することが知られている。また、本発明で用いられる $\Delta 5$ 不飽和化酵素としては、配列番号 5 に示されるアミノ酸配列を有する $\Delta 5$ 不飽和化酵素に限定されるものではなく、脂肪酸モノカルボン酸の $\Delta 5$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質であればよい。具体的には、配列番号 5 に示されるアミノ酸配列において、1 個又は数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、及び／又は付加されたアミノ酸配列からなるタンパク質であっても、上記機能を有していれば本発明にて用いることができる。

【0060】

また、本発明に係る植物体の生産方法には、後述するように、公知の遺伝子組み替え技術を利用して、上記 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子を好適に用いることができる。上記 $\Delta 6$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子とし

ては特に限定されるものではないが、具体的な一例としては、例えば、モルティエラ アルピナ由来の $\Delta 6$ 不飽和化酵素を用いる場合には、この $\Delta 6$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子（説明の便宜上、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子と称する）を挙げることができる。 $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子の具体的な一例としては、例えば、配列番号2に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム（ORF）として含むポリヌクレオチドを挙げることができる。

【0061】

もちろん、本発明で用いられる $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子としては、上記の例に限定されるものではなく、配列番号2に示される塩基配列と相同性を有する遺伝子であってもよい。具体的には、例えば、配列番号2に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 6$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子等を挙げることができる。なお、本発明でいう「ストリンジェントな条件」とは、少なくとも90%の同一性、好ましくは少なくとも95%の同一性、より好ましくは少なくとも97%の同一性が配列間に存在するときのみハイブリダイゼーションが起こることを意味する。

【0062】

上記ハイブリダイゼーションは、J. Sambrook et al. Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory (1989)に記載されている方法等、従来公知の方法で行うことができる。通常、温度が高いほど、塩濃度が低いほどストリンジェンシーは高くなる（ハイブリダイズし難くなる）。

【0063】

また、上記脂肪酸鎖長延長酵素をコードする遺伝子としては特に限定されるものではないが、具体的な一例としては、例えば、モルティエラ アルピナ由来の脂肪酸鎖長延長酵素を用いる場合には、この脂肪酸鎖長延長酵素をコードする遺伝子（説明の便宜上、脂肪酸鎖長延長酵素遺伝子と称する）を挙げることができる。脂肪酸鎖長延長酵素遺伝子の具体的な一例としては、例えば、配列番号4に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム（ORF）として含むポリヌクレオチドを挙げることができる。なお、本発明でいうORFとは、開始コドンから終止コドンの直前までの範囲をいう。

【0064】

さらに、本発明で用いられる脂肪酸鎖長延長酵素遺伝子としては、上記の例に限定されるものではなく、配列番号4に示される塩基配列と相同性を有する遺伝子であってもよい。具体的には、例えば、配列番号4に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の鎖長を延長する反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子等を挙げることができる。

【0065】

また、上記 $\Delta 5$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子としては特に限定されるものではないが、具体的な一例としては、例えば、モルティエラ アルピナ由来の $\Delta 5$ 不飽和化酵素を用いる場合には、この $\Delta 5$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子（説明の便宜上、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子と称する）を挙げることができる。 $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子の具体的な一例としては、例えば、配列番号6に示される塩基配列をオープンリーディングフレーム（ORF）として含むポリヌクレオチドを挙げることができる。

【0066】

もちろん、本発明で用いられる $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子としては、上記の例に限定されるものではなく、配列番号6に示される塩基配列と相同性を有する遺伝子であってもよい。具体的には、例えば、配列番号6に示される塩基配列からなる遺伝子と相補的な塩基配列からなる遺伝子とストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、脂肪族モノカルボン酸の $\Delta 5$ 位に不飽和結合を導入する反応を触媒する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子等を挙げることができる。

【0067】

上記遺伝子を取得する方法は特に限定されるものではなく、従来公知の方法により、多くの動物、微生物、または植物から単離することができる。例えば、既知の酵素の塩基配列に基づき作製したプライマー対を用いることができる。このプライマー対を用いて、植物の cDNA 又はゲノミック DNA を鋳型として PCR を行うこと等により上記遺伝子を得ることができる。また、上記遺伝子は、従来公知の方法により化学合成して得ることができる。

【0068】

〔1-2〕本発明にかかるアラキドン酸ダイズの生産方法の一例

本発明にかかるアラキドン酸ダイズの生産方法は、上記〔1-1〕欄で説明した脂肪酸合成酵素を植物体に導入し、アラキドン酸を生産させる工程を含んでいれば特に限定されるものではないが、本発明にかかる植物体の生産方法を具体的な工程で示せば、例えば、発現ベクター構築工程、形質転換工程、選抜工程等の工程を含む生産方法として挙げることができる。このうち、本発明では、少なくとも形質転換工程が含まれていればよい。以下、各工程について具体的に説明する。

【0069】

〔1-2-1〕発現ベクター構築工程

本発明において行われる発現ベクター構築工程は、上記〔1-1〕欄で説明した脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子と、プロモーター（配列）とを含む組換え発現ベクターを構築する工程であれば特に限定されるものではない。

【0070】

上記組換え発現ベクターの母体となるベクターとしては、従来公知の種々のベクターを用いることができる。例えば、プラスミド、ファージ、またはコスミド等を用いることができ、導入される植物細胞や導入方法に応じて適宜選択することができる。具体的には、例えば、pBR322、pBR325、pUC19、pUC119、pBluescript、pBluescript SK、pBI系のベクター等を挙げることができる。特に、植物体へのベクターの導入法がアグロバクテリウムを用いる方法である場合には、pBI系のバイナリーベクターを用いることが好ましい。pBI系のバイナリーベクターとしては、具体的には、例えば、pBIG、pBIN19、pBI101、pBI121、pBI221等を挙げることができる。

【0071】

上記プロモーターは、植物体内で遺伝子を発現させることが可能なプロモーターであれば特に限定されるものではなく、公知のプロモーターを好適に用いることができる。かかるプロモーターとしては、例えば、カリフラワーモザイクウイルス 35S プロモーター（CaMV 35S）、アクチンプロモーター、ノパリン合成酵素（ノパリンシンターゼ）のプロモーター、タバコの PR1a 遺伝子プロモーター、トマトのリブ羅斯 1, 5-二リン酸カルボキシラーゼ・オキシダーゼ小サブユニットプロモーター等を挙げることができる。この中でも、カリフラワーモザイクウイルス 35S プロモーターまたはアクチンプロモーターをより好ましく用いることができる。また、ダイズで機能するプロモーターとしてはダイズ種子の貯蔵タンパク質コングリシニンのプロモーターを好適に用いることができる。さらに、上記プロモーターは、構成的プロモーターであってもよいし、あるいは組織特異的なプロモーターであってもよい。上記各プロモーターを用いれば、得られる組換え発現ベクターでは、植物細胞内に導入されたときに任意の遺伝子を強く発現させることが可能となる。なかでも、種子特異的なプロモーターが好ましい。すなわち、種子特異的なプロモーターの下流領域に、アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子を連結することが好ましい。より詳細には、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の 3 種類の酵素をそれぞれ種子特異的なプロモーターの下流域に連結する場合を挙げることができる。例えば、ダイズ種子特異的なプロモーターとして、後述する実施例に示すようにコングリシニンプロモーターなどが挙げられる。これにより、効率かつ安定にアラキドン酸生合成に関与する酵素を発現させることができ、アラキドン酸を

安定に生産させることができる。

【0072】

上記プロモーターは、上記〔1-1〕欄で説明した脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子を発現しうるように連結され、ベクター内に導入されていればよく、組換え発現ベクターとしての具体的な構造は特に限定されるものではない。

【0073】

なお、脂肪酸合成酵素として、例えば、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の3種類の酵素を宿主植物にて発現させる場合、それぞれの酵素が発現されるように、これら3種類の酵素を同一のベクター上に配置した組換え発現ベクターを用いて形質転換してもよいし、また、3つのベクター上に、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の3種類の酵素をそれぞれ配置し、これら3つのベクターを同時に形質転換し、宿主植物細胞内にて、3種類の酵素を別々に発現させる方法を用いてもよいが、特に、3種類の酵素を同一のベクター上に配置した組換え発現ベクターを用いることがより好ましい。なお、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の3種類の酵素を同一のベクター上に配置した組換え発現ベクターを用いる場合は、これら3種類の遺伝子が同じ向きに転写されるように配置されることが好ましいが、これに限られるものではなく、たとえ逆向きに転写される場合でも、上記3種類の酵素が宿主植物にて発現すれば本工程に用いることができる。

【0074】

上記組換え発現ベクターは、上記プロモーターおよび上記脂肪酸合成酵素遺伝子に加えて、さらに他のDNAセグメントを含んでもよい。当該他のDNAセグメントは特に限定されるものではないが、ターミネーター、選別マーカー、エンハンサー、翻訳効率を高めるための塩基配列等を挙げることができる。また、上記組換え発現ベクターは、さらにT-DNA領域を有していてもよい。T-DNA領域は特にアグロバクテリウムを用いて上記組換え発現ベクターを植物体に導入する場合に遺伝子導入の効率を高めることができる。

【0075】

ターミネーターは転写終結部位としての機能を有していれば特に限定されるものではなく、公知のものであってもよい。例えば、具体的には、ノパリン合成酵素遺伝子の転写終結領域（Nosターミネーター）、カリフラワーモザイクウイルス35Sの転写終結領域（CaMV35Sターミネーター）、モノピン合成酵素遺伝子の転写終結領域（Masターミネーター）等を好ましく用いることができる。この中でもNosターミネーターあるいはMasターミネーターをより好ましく用いることができる。

【0076】

上記組換え発現ベクターにおいては、ターミネーターを適当な位置に配置することにより、植物細胞に導入された後に、不必要に長い転写物を合成したり、強力なプロモーターがプラスミドのコピー数の減少させたりするような現象の発生を防止することができる。

【0077】

上記選別マーカーとしては、例えば薬剤耐性遺伝子を用いることができる。かかる薬剤耐性遺伝子の具体的な一例としては、例えば、ハイグロマイシン、ブレオマイシン、カナマイシン、ゲンタマイシン、クロラムフェニコール等に対する薬剤耐性遺伝子を挙げることができる。これにより、上記抗生物質を含む培地中で生育する植物体を選択することによって、形質転換された植物体を容易に選別することができる。

【0078】

上記翻訳効率を高めるための塩基配列としては、例えばタバコモザイクウイルス由来のomega配列を挙げることができる。このomega配列をプロモーターの非翻訳領域（5' UTR）に配置させることによって、上記キメラ遺伝子の翻訳効率を高めることができる。このように、上記組換え発現ベクターには、その目的に応じて、さまざまなDNAセグメントを含ませることができる。

【0079】

上記組換え発現ベクターの構築方法についても特に限定されるものではなく、適宜選択された母体となるベクターに、上記プロモーター、脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子、および必要に応じて上記他のDNAセグメントを所定の順序となるように導入すればよい。例えば、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子、脂肪酸鎖長延長酵素をコードする遺伝子、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素をコードする遺伝子が発現されるように、これら3種類の酵素遺伝子を連結し、次に、これら脂肪酸合成酵素遺伝子とプロモーターと（必要に応じてターミネーター等）とを連結して発現カセットを構築し、これをベクターに導入すればよい。なお、上述したように、3種類の遺伝子を同一ベクター上に配置する必要は無く、例えば、3つのベクターに別々に3種類の遺伝子を配置してもよいことはいふまでもない。

【0080】

3種類の脂肪酸合成酵素遺伝子の構築および発現カセットの構築では、例えば、各DNAセグメントの切断部位を互いに相補的な突出末端としておき、ライゲーション酵素で反応させることで、当該DNAセグメントの順序を規定することが可能となる。なお、発現カセットにターミネーターが含まれる場合には、上流から、プロモーター、上記脂肪酸合成酵素遺伝子、ターミネーターの順となっていればよい。また、組換え発現ベクターを構築するための試薬類、すなわち制限酵素やライゲーション酵素等の種類についても特に限定されるものではなく、市販のものを適宜選択して用いればよい。

【0081】

また、上記組換え発現ベクターの増殖方法（生産方法）も特に限定されるものではなく、従来公知の方法を用いることができる。一般的には大腸菌をホストとして当該大腸菌内で増殖させればよい。このとき、ベクターの種類に応じて、好ましい大腸菌の種類を選択してもよい。

【0082】

〔1-2-2〕形質転換工程

本発明において行われる形質転換工程は、上記〔1-2-1〕欄で説明した組換え発現ベクターを植物細胞に導入して、上記〔1-1〕欄で説明した脂肪酸合成酵素を生産させるようになっていけばよい。

【0083】

上記組換え発現ベクターを植物細胞に導入する方法（形質転換方法）は特に限定されるものではなく、植物細胞に応じた適切な従来公知の方法を用いることができる。具体的には、例えば、アグロバクテリウムを用いる方法や直接植物細胞に導入する方法を用いることができる。アグロバクテリウムを用いる方法としては、例えば、Transformation of *Arabidopsis thaliana* by vacuum infiltration (<http://www.bch.msu.edu/pamgreen/protocol.htm>)を用いることができる。

【0084】

組換え発現ベクターを直接植物細胞に導入する方法としては、例えば、マイクロインジェクション法、エレクトロポレーション法（電気穿孔法）、ポリエチレングリコール法、パーティクルガン法、プロトプラスト融合法、リン酸カルシウム法等を用いることができる。

【0085】

上記組換え発現ベクターが導入される植物細胞としては、例えば、花、葉、根等の植物器官における各組織の細胞、カルス、懸濁培養細胞等を挙げることができる。

【0086】

ここで、本発明にかかる植物体の生産方法においては、上記組換え発現ベクターは、生産しようとする種類の植物体に合わせて適切なものを適宜構築してもよいが、汎用的な組換え発現ベクターを予め構築しておき、それを植物細胞に導入してもよい。すなわち、本発明にかかる植物体の生産方法においては、上記〔1-2-1〕で説明した組換え発現ベクター構築工程が含まれていてもよいし、含まれていなくてもよい。

【0087】

また、宿主植物に $\Delta 15$ 不飽和化酵素が含まれている場合は、この $\Delta 15$ 不飽和化酵素

の発現を抑制することが好ましい。これは、図1に示すように、ダイズ内にて生産されたリノール酸が $\Delta 15$ 不飽和化酵素によって α -リノレン酸に変換されてしまう。このため、ダイズ内で生産された全てのリノール酸をアラキドン酸の前駆物質である γ -リノレン酸に変換させるためには、この $\Delta 15$ 不飽和化酵素の発現を抑制することが好ましいためである。この $\Delta 15$ 不飽和化酵素の発現を抑制する方法としては、従来公知の遺伝子工学的手法である、アンチセンス法、センス（コサプレッション）法、二本鎖RNAを転写させるRNAi法を利用することができ、特に限定されるものではないが、例えば、後述する実施例に示すようにRNAi法を用いることが好ましい。この方法によれば、簡便かつ確実に $\Delta 15$ 不飽和化酵素遺伝子の発現を抑制することができる。つまり、本発明のアラキドン酸生産工程には、宿主の $\Delta 15$ 不飽和化酵素の発現を抑制する発現抑制工程が含まれることが好ましく、さらには、上記発現抑制工程は、RNAi法によって $\Delta 15$ 不飽和化酵素の発現を抑制する工程であることがより好ましいといえる。

【0088】

〔1-2-3〕その他の工程、その他の方法

本発明にかかる植物体の生産方法においては、上記形質転換工程が含まれていればよく、さらに上記組換え発現ベクター構築工程が含まれていてもよいが、さらに他の工程が含まれていてもよい。具体的には、形質転換後の植物体から適切な形質転換体を選抜する選抜工程等を挙げることができる。

【0089】

選抜の方法は特に限定されるものではなく、例えば、ハイグロマイシン耐性等の薬剤耐性を基準として選抜してもよいし、形質転換体を育成した後に、植物体そのもの、または任意の器官や組織に含まれるアラキドン酸含有量から選抜してもよい。また、例えば、GFPなどの蛍光性タンパク質を同時に形質導入し、視覚的に選抜することも可能である。

【0090】

本発明にかかる植物体の生産方法では、上記脂肪酸合成酵素遺伝子を植物体に導入するため、該植物体から、有性生殖または無性生殖により単に含量が低減された子孫を得ることが可能となる。また、該植物体やその子孫から植物細胞や、種子、果実、株、カルス、塊茎、切穂、塊等の繁殖材料を得て、これらを基に該植物体を量産することも可能となる。したがって、本発明にかかる植物体の生産方法では、選抜後の植物体を繁殖させる繁殖工程（量産工程）が含まれていてもよい。

【0091】

なお、本発明における植物体とは、成育した植物個体、植物細胞、植物組織、カルス、種子の少なくとも何れかが含まれる。また、この繁殖工程にて繁殖した植物体の子孫も本発明に含まれる。つまり、本発明では、最終的に植物個体まで成育させることができる状態のものであれば、全て植物体と見なす。また、上記植物細胞には、種々の形態の植物細胞が含まれる。かかる植物細胞としては、例えば、懸濁培養細胞、プロトプラスト、葉の切片等が含まれる。これらの植物細胞を増殖・分化させることにより植物体を得ることができる。なお、植物細胞からの植物体の再生は、植物細胞の種類に応じて、従来公知の方法を用いて行うことができる。したがって、本発明にかかる植物体の生産方法では、植物細胞から植物体を再生させる再生工程が含まれていてもよい。

【0092】

また、本発明にかかる植物体の生産方法は、組換え発現ベクターで形質転換する方法に限定されるものではなく、他の方法を用いてもよい。具体的には、例えば、上記脂肪酸合成酵素そのものを植物体に投与してもよい。この場合、最終的に利用する植物体の部位においてアラキドン酸を含有できるように、若年期の植物体に脂肪酸合成酵素を投与すればよい。また脂肪酸合成酵素の投与方法も特に限定されるものではなく、公知の各種方法を用いればよい。

【0093】

〔2〕本発明により得られるアラキドン酸ダイズとその有用性、並びにその利用

本発明にかかるアラキドン酸ダイズの生産方法では、アラキドン酸生合成に参与する脂

脂肪酸合成酵素をダイズに導入する。これにより、アラキドン酸の合成系に關与する脂肪酸合成酵素が発現され、当該脂肪酸合成酵素が本来高等植物には存在しないアラキドン酸生合成経路により、アラキドン酸を生産することになる。その結果、得られる植物体はアラキドン酸を含有することになる。したがって、本発明には、上記植物体の生産方法により得られる、アラキドン酸を含有するダイズが含まれる。

【0094】

〔2-1〕本発明の有用性

本発明では、植物体にアラキドン酸を生産させることができるが、本発明の有用性は特に限定されるものではなく、アラキドン酸を含む植物体をそのまま農作物、食品等として流通させることも可能であるし、さらに、該植物体からアラキドン酸を抽出して、このアラキドン酸を利用することができる。すなわち、本発明には、上記植物体の生産方法によって生産された植物体から得られるアラキドン酸も含まれる。

【0095】

ここで、上記アラキドン酸を含有する油脂原料植物体からアラキドン酸を取得する方法は、特に限定されるものではなく、従来公知の抽出・精製方法を利用することができる。例えば、形質転換ダイズから大豆油を取得する要領で油を搾り取り、そこからアラキドン酸を分離・精製する方法を挙げることができる。

【0096】

また、上述したように、アラキドン酸は、動物の体内で様々な機能を示すほか、プロスタグランジン類の直接の前駆体としても重要な役割を果たすことが知られている。さらに、アラキドン酸は老人性痴呆症に対する改善効果も認められている。このため、アラキドン酸含有植物体または該植物体から得られるアラキドン酸は、老人性痴呆症に対する改善効果を謳った組成物（例えば、油脂組成物）、食品（健康食品など）や医薬品などへの応用が可能である。ここで、「組成物」とは、アラキドン酸以外にどのような成分が含まれていてもよく、特に限定されるものではない。例えば、アラキドン酸以外の油脂成分としてPC、DHA、EPAなどPUFAなどが含まれていてもよい。また、ここでいう「食品」とは、経口摂取により体内に取り込まれるものであればよく、錠剤、液体、粉末などの剤型などは限定されるものではない。例えば、体内にて可溶するカプセルにアラキドン酸を含有する油脂組成物を包含させて健康食品とすることができる。

【0097】

〔2-2〕本発明の利用の一例

本発明の利用分野、利用方法は特に限定されるものではないが、一例として、本発明にかかる植物体の生産方法を行うためのキット、すなわちアラキドン酸含有植物体作製キットを挙げることができる。

【0098】

このアラキドン酸含有植物体作製キットの具体例としては、上記脂肪酸合成酵素をコードする遺伝子を含む組換え発現ベクターを少なくとも含んでいればよく、上記組換え発現ベクターを植物細胞に導入するための試薬群を含んでいればより好ましい。上記試薬群としては、形質転換の種類に応じた酵素やバッファー等を挙げることができる。その他、必要に応じてマイクロ遠心チューブ等の実験用素材を添付してもよい。

【0099】

本発明に係るアラキドン酸含有植物体作製キットによれば、容易に上記植物体の生産方法を実施することができ、確実かつ簡易にアラキドン酸を含有する植物体を生産することができる。

【0100】

以下実施例を示し、本発明の実施の形態についてさらに詳しく説明する。もちろん、本発明は以下の実施例に限定されるものではなく、細部については様々な態様が可能であることはいうまでもない。さらに、本発明は上述した実施形態に限定されるものではなく、請求項に示した範囲で種々の変更が可能であり、それぞれ開示された技術的手段を適宜組み合わせ得られる実施形態についても本発明の技術的範囲に含まれる。

【実施例】

【0101】

〔I〕脂肪酸の分析

脂質の抽出・分析は、公知の方法（藤野安彦編（1978）生物化学実験法 9 学会出版センター、山田晃弘編（1989）生物化学実験法 24 学会出版センター）にしたがった。まず、閉鎖系温室で栽培した形質転換タバコより葉を 1 枚根元より切り取った。切り取った葉は秤量した後水洗し、ハサミを用いて 5 mm 角に切断した。切断した葉約 1 g をステンレス製の 50 ml のカップに入れ、クロロホルム／メタノール（1：2）溶液 35 ml、ガラスビーズ（直径 0.4 mm）7.5 ml を入れ、ホモジナイザー（CELL MASTER CM-100、井内製作所）にて、10,000 回転 x 10 分間の処理を行った。

【0102】

カップの内容物は、ろ紙にてろ過し、ろ液が 90 ml になるまで残渣をクロロホルム／メタノール（1：2）溶液で洗浄・ろ過を繰り返した。ろ液は 22.5 ml ずつ 50 ml 容のガラス製遠心管に分注し、各遠心管にクロロホルム 7.5 ml、1% KCl 水溶液 13.5 ml を添加した。遠心管は 10 分間激しく攪拌した後、3,000 rpm で 20 分間遠心した。溶液は 2 層に分かれ、そのうち下層のクロロホルム層を回収した。クロロホルム層は、あらかじめ秤量していたねじ口試験管（φ 16 mm x 125 mm）に移し、スピードバック（SAVANT 社 SC210）にて溶媒を蒸発除去した。ねじ口試験管の重さを量り試験管の重さとの差より回収された脂質の量を求めた。

【0103】

ねじ口試験管中の約 4 mg の油脂に 10% 塩酸メタノール 2 ml、ジクロロメタン 1 ml を添加し、フタをした後 50℃、3 時間の加熱処理を行い、脂質を脂肪酸メチルエステルとした。この反応後、蒸留水 1 ml、ヘキサン 4 ml を添加し、5 分間激しく攪拌した後、3,000 回転 x 5 分間の遠心処理を行った。上層のヘキサン層を別の試験管に回収し、スピードバックにてヘキサンを蒸発除去した。この操作を 2 回繰り返し、脂肪酸メチルエステルを回収した。脂肪酸メチルエステルは 50 μl のアセトニトリルに溶解し、ガスクロマトグラフィー（Hewlett Packard 社 HP-6800）で分析した。分析条件は下記表 1 に示す。

【0104】

【表 1】

ガスクロマトグラフィー分析条件

カラム	Supelco SP-2330、Fused Silica Capillary Column、 30m x 0.32mm ID , 0.2μm
温度	Inj: 240℃、Det: 250℃、Oven: 180℃ 3 分、 180℃→220℃（2℃/min）
カラム流量	30cm/sec、圧力 200 kPa、検出器 FID

クロマトグラム中の各ピークは標準脂肪酸のメチルエステルのリテンションタイムと GC-MASS（Hewlett Packard 社 HP-5973）分析により決定し、またピーク面積より各脂肪酸の割合を決定した。

【0105】

〔II〕タバコにおけるモルティエラ アルピナ（*M. alpina*）由来の遺伝子の発現

〔II-1〕Δ6 不飽和化酵素遺伝子の発現

pE2113（Plant Cell Physiol. 37, p45（1996））は、エンハンサー配列を繰り返したカリフラワーモザイクウイルス 35S（E1235S）プロモーターとノパリンシンターゼ（nos）ターミネーターとを有するプラスミドベクターである。この pE2113

を *SnaBI* で消化し、*XhoI* リンカー (TAKARA) を挿入することにより得られたプラスミドをさらに *SacI* で消化・平滑末端化した後、*BamHI* リンカー (TAKARA) を挿入し *pUE7* を得た。

【0106】

pUE7 を *HindIII* と *EcoRI* とで消化することによって得られる DNA 断片のうち、*E1235S* プロモーターを有する断片と、*HindIII* と *EcoRI* とで消化した植物形質転換用バイナリーベクター *pBINPLUS* (Transgenic research 4, p 288, (1995)) とを連結することにより、*pSPB505* を得た。一方、モルティエラ由来の $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子を含むプラスミド *PMLD101* を *XhoI* にて消化後、*BamHI* にて部分消化して得られる約 1.6 kb の DNA 断片を回収した。この DNA 断片と、*pSPB505* を *XhoI* と *BamHI* で消化して得られるバイナリーベクター部分の DNA 断片と連結し、*pSPB559* を得た。このプラスミドにおいてモルティエラ $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子は *E1235S* プロモーターと *nos* ターミネーターの制御下にある。

【0107】

公知の方法 (Plant J. 5, 81, (1994)) に基づいて、*pSPB559* をアグロバクテリウムに導入し、この組換えアグロバクテリウムを用いてタバコに導入した。公知の方法 (Plant J. 5, 81, (1994)) に基づいて、得られた組換えタバコの葉から RNA を抽出し、ノザンハイブリダイゼーションによりモルティエラ由来の $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子を発現している系統を選択した。上記 [I] 欄に記載の方法で、これらのタバコの葉の脂肪酸を分析したところ、組換えタバコの葉では宿主のタバコにはない γ -リノレン酸が 1.8 ~ 7.3 % 含まれていた。この結果から、モルティエラ由来の $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子が植物で機能することがわかった。

【0108】

[II-2] $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子および脂肪酸鎖長延長酵素遺伝子の共発現

pUCAP (Transgenic research 4, p288, (1995)) を *AscI* で消化し、平滑末端化し、*PacI* リンカーを挿入することにより、*pUCAPP* とした。*pE2113* を *SnaBI* で消化し、*BamHI* リンカー (TAKARA) を挿入することにより、*pUE6* を得た。この *pUE6* を *SacI* で消化し、平滑末端化し、*SalI* リンカー (TAKARA) を挿入して *pUE8* を得た。

【0109】

このプラスミド *pUE8* を *HindIII* と *EcoRI* とで消化して得られる DNA 断片のうち *E1235S* プロモーターを有する断片を *pUCAPP* の *HindIII*-*EcoRI* サイトに挿入した。このプラスミドを *BamHI* および *SalI* で消化した DNA 断片と、脂肪酸鎖長延長酵素の cDNA を *BamHI* および *XhoI* で消化して得られる DNA 断片とを連結し、*pSPB1130* を得た。このプラスミド *pSPB1130* を *PacI* で消化し、得られる約 2.3 kb の DNA 断片を *pBINPLUS* の *PacI* サイトに挿入した。脂肪酸鎖長延長酵素遺伝子と *pBINPLUS* 上の *nptII* 遺伝子との転写方向が同じ向きになっているプラスミドを選択し、*pSPB1157P* とした。

【0110】

また、*pSPB599* を *PacI* で消化した後平滑末端化し、*AscI* リンカーを挿入し、*pSPB599A* とした。この *pSPB599A* を *AscI* で消化して得られる $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子を含む DNA 断片を *pSPB1157P* の *AscI* 部位に挿入し、*pSPB1157* を得た。

【0111】

このバイナリープラスミド *pSPB1157* を上述のようにタバコに導入し、形質転換タバコを取得した。その結果、脂肪酸鎖長延長酵素と $\Delta 6$ 不飽和化酵素の遺伝子が発現しているタバコの葉では、全脂肪酸量の 0.1 ~ 5 % の割合でジホモ γ -リノレン酸の生産が確認された。一方、形質転換していない宿主タバコの葉にはジホモ γ -リノレン酸は認められなかった。この結果から、モルティエラ由来の $\Delta 6$ 脂肪酸不飽和化酵素遺伝子

および脂肪酸鎖長延長酵素遺伝子を同一ベクター上に配置したバイナリープラスミドを用いて形質転換したタバコにおいて、 $\Delta 6$ 脂肪酸不飽和化酵素と脂肪酸鎖長延長酵素とが共発現するとともに、機能を発揮することがわかった。

【0112】

〔I I-3〕 $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子と脂肪酸鎖長延長酵素遺伝子と $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子との共発現

pCGP1364 (Plant Cell Physiol. 36, p1023, (1995)) を HindIII と SacI で消化して得られる約 1.3 kb の DNA 断片と、pCGP1364 を PstI で消化し、平滑末端化した後 SacI で消化して得られる約 2.9 kb の DNA 断片と、pUCAPA を SacI で消化し、平滑末端化した後 HindIII で消化して得られる約 2.7 kb の DNA 断片とを連結することにより、pSPB184 を得た。これを XbaI と KpnI で消化し、pCR2 にサブクローニングしてある $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子断片を XbaI と KpnI で消化して回収し、これらの DNA 断片を連結し、pSPB1519A を得た。

【0113】

この pSPB1519A を AscI で消化し、pSPB1157 の AscI 部位に挿入し、pSPB1519 を得た。このプラスミド pSPB1519 上で pTII、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子、鎖長延長酵素遺伝子、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子は同じ向きに転写され、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子、鎖長延長酵素遺伝子、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子は構成的プロモーターの制御下にある。

【0114】

上述と同様な方法で、pSPB1519 を用いて形質転換されたタバコを取得し、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子、鎖長延長酵素遺伝子、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子が発現している形質転換タバコを同定した。この形質転換タバコの葉の脂肪酸を分析したところ、アラキドン酸の生産は認められなかった。この結果から、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子、鎖長延長酵素遺伝子、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子が転写されているにもかかわらず、アラキドン酸が合成されなかったのは、この形質転換タバコにおいては、アラキドン酸の生産のためには $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子、鎖長延長酵素遺伝子、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素遺伝子が転写されるだけでは不十分であることを示している。

【0115】

〔I I-4〕 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の機能確認

前述のように、形質転換タバコの葉では $\Delta 5$ 不飽和化酵素遺伝子が転写されていたにもかかわらず、アラキドン酸が生産されなかった。その原因として、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の基質となるジホモ- γ -リノレン酸の量が不足している可能性と、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素が機能していない可能性が考えられた。

【0116】

そこで、pSPB1519 形質転換タバコに対して、外部からジホモ- γ -リノレン酸を与えることによって、アラキドン酸が生産されるかどうかを解析した。解析方法は Qiu ら (J. Biol. Chem. 276, p31561 (2001)) の方法に従った。すなわち、新鮮重 1 g のタバコ葉をカミソリの刃を用いて小片に切り刻み、シャーレ中で 10 ml の 0.05% ジホモ- γ -リノレン酸ナトリウム水溶液と 24℃、4 時間緩やかに振盪培養した。培養後、水で 3 回洗浄し、脂肪酸分析をおこなった。

【0117】

その結果、形質転換体 2 系統を用いた解析から、ジホモ- γ -リノレン酸と共培養した場合にアラキドン酸の合成が確認され、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素がタバコの葉で機能していることが示唆された。このことから、pSPB1519 形質転換タバコでアラキドン酸が生産されなかった原因は、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の基質となるジホモ- γ -リノレン酸が十分量存在しなかったためと考えられた。

【0118】

〔I I I〕 ダイズの形質転換

ダイズ (*Glycine max*) の培養は、基本的にFinerらの方法に従い (*In vitro Cell. Dev. Biol. Plant* 35:451 (1999))、品種Jackの未成熟子葉 (3~5 mm) を誘導培地 (30 g/l sucrose、40 mg/l 2, 4-D、B5 vitamins添加MS培地、pH 7.0) で体細胞胚を誘導した。

【0119】

誘導した体細胞胚を液体増殖培地 (10 g/l sucrose、1 g/l asparagine、5 mg/l 2, 4-D、FNLite培地、pH 5.8) で増殖させた後、パーティクルガン法 (直径1.0の金粒子と1350 dpiのラプチャーディスク) で遺伝子を導入した。この遺伝子を導入した体細胞胚を1週間増殖培地で培養した後、15 mg/l、30 mg/l、45 mg/lのhygromycinを添加した増殖培地でそれぞれ1ヶ月選抜してから、液体分化・成熟培地 (30 g/l sucrose、30 g/l D-Glucitol、298.4 mg/l L-methionine、4.38 g/l L-glutamin、FNLite培地、pH 5.8) に移植して再分化させた。選抜された体細胞胚は、分化・成熟培地へ移すと、次第に大きさを増し (この段階は未熟胚に相当する)、発達するに従って明確な子葉と胚軸とに分化して、成熟するに至った (この段階は成熟胚に相当する)。成熟した体細胞胚を乾燥させてから発芽培地で発芽させ、完全な植物体を取得した。なお、液体振盪培養は、回転シェーカーで行い、振盪速度は100 rpmとした。

【0120】

〔IV〕多重遺伝子発現用ベクターの改良

既存のベクターにおける制限酵素認識部位のほとんどは6塩基であり、目的遺伝子をプロモーター、ターミネーターと組み合わせた複数の発現カセットを1つのベクターに挿入する際には、目的遺伝子の中に認識部位が存在し、制限酵素認識部位を利用できない場合が多い。この場合、8塩基の制限酵素認識部位を用いることで、この問題を解決できると考え、8塩基の制限酵素認識部位を4ヶ所追加したベクターを作製した。具体的には、以下のように行った。

【0121】

まず、8塩基認識部位を2ヶ所持つpUCAPをAseIで消化しSgfIリンカーを挿入、さらに、PacIで消化しFseIリンカーを挿入し、8塩基認識の制限酵素認識部位を4ヶ所有するプラスミドpUCSAPFを作製した。他にサブクロニング用としてpUC19をHindIIIで消化しSgfIリンカーを挿入、さらに、EcoRIで消化しAseIリンカーを挿入したプラスミドpUCSA、pUC19をHindIIIで消化しPacIリンカーを挿入、さらに、EcoRIで消化しFseIリンカーを挿入したプラスミドpUCPF、pUC19をHindIIIで消化しSgfIリンカーを挿入、さらに、EcoRIで消化しSgfIリンカーを挿入したプラスミドpUCSS、pUC19をHindIIIで消化しFseIリンカーを挿入、さらに、EcoRIで消化しFseIリンカーを挿入したプラスミドpUCFFを作製した。

【0122】

〔V〕脂肪酸合成酵素遺伝子植物発現用ベクターの構築

アラキドン酸生産用ベクターとして、モルティエラ由来の $\Delta 6$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素 (GLELO)、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素の発現カセット、およびダイズ由来の $\Delta 15$ 不飽和化酵素のRNAiカセットを種子特異的プロモーターと組み合わせ、脂肪酸合成酵素遺伝子植物発現用ベクターを作製した。種子特異的プロモーターにはダイズ由来コングリシニンアルファ' サブユニットプロモーター (*Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 83 p8560 (1986)) を用いた。具体的には、以下のように行った。

【0123】

まず、pUC19マルチクロニングサイトのHindIIIとXbaIとの間にPCRにより増幅、制限酵素処理、精製したコングリシニンプロモーターを、SacIとEcoRIとの間にPCRにより増幅、制限酵素処理、精製したマノピン合成酵素遺伝子ターミネーターを挿入した (pSPB1904)。PCR反応は目的配列をサブクロニングしてあるプラスミドを鋳型に行った。なお、PCR反応に用いたプライマーは、コングリ

シニンプロモーターについては、プライマー *HinCprof* (5' -AGTCAAGCTTAATTCAAA CAAAAACG-3') (配列番号7)、と *XbaCpro* (5' -CAGTTCTAGAAAATTCTTTAATACGG -3') (配列番号8) とを使用した。また、モノピン合成酵素遺伝子ターミネーターについては、プライマー *Sacmasf* (5' -AGTCGAGCTCCAGCTTCCTGAAACC-3') (配列番号9) と、*Ecomasr* (5' -CATCATCTCGAGGGTGGTGACCATGGTGATCGC-3') (配列番号10) とを用いた。

【0124】

サブクローニングに使用するPCRで増幅したDNA断片は全て、高精度でDNAを増幅できるKOD+ポリメラーゼ(東洋紡株式会社)を用い、94℃で2分間保持した後、94℃・15秒、68℃・1~3分のサイクルを25サイクルのPCR反応によって調製した。pSPB1904の*XbaI*と*SacI*との間に、PCRで調製したΔ5不飽和化酵素、Δ6不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素の各DNA断片をサブクローニングし、それぞれpSPB1909、pSPB1910、pSPB1911と命名した。

【0125】

pSPB1909を*HindIII*、*EcoRI*で消化して得たΔ5不飽和化酵素カセットをpUCSAに挿入し、またpSPB1911を*HindIII*、*EcoRI*で消化して得た鎖長延長酵素カセットをpUCPFに挿入した。これらをそれぞれpSPB1919、pSPB1920と称する。さらに、このpSPB1919を*PacI*、*FseI*で消化して得たΔ5不飽和化酵素カセットと、pSPB1920を*SgfI*、*AscI*で消化して得た脂肪酸鎖長延長酵素カセットと、pSPB1910を*HindIII*、*EcoRI*で消化して得たΔ6不飽和化酵素カセットとをpUCSAPFに組み込んで、3カセットを連結したプラスミドpSPB1944を作製した。

【0126】

また、35Sプロモーター-ハイグロマイシン耐性遺伝子-*nos*ターミネーターからなるHPTカセットはpUCFFの*HindIII*サイトに、また35Sプロモーター-緑色蛍光タンパク質遺伝子-*nos*ターミネーターからなるGFPカセットはpUCSSの*SphI*と*EcoRI*との間にそれぞれサブクローニングし、pSPB1918、pSPB1935を作製した。pSPB1944の*FseI*サイトにpSPB1918から切り出したHPTカセットを、また*SgfI*サイトにpSPB1935から切り出したGFPカセットを挿入しpSPB1852を作製した。

【0127】

また、Δ15不飽和化酵素遺伝子 (Accession No. P48625) をサブクローニングするために、ダイズ未熟種子から抽出した全RNAを用いてRT-PCRを行った。具体的には、以下のように行った。

【0128】

逆転写反応はスーパースクリプトファーストストランド合成システムRT-PCR用(インビトロジェン株式会社)を用いて、*Oligo(dT)*12~18プライマーで行った。逆転写産物を鋳型とし、プライマー *det15-2-F1* (5' -ATGGTTAAAGACACAAAGCC TTTAGCC-3') (配列番号11) と、*det15-2-R1* (5' -TCAGTCTCGTTGCGAGTGGAG G-3') (配列番号12) とを用いてPCR反応を行った。

【0129】

PCR反応は94℃で2分間保持した後、94℃・30秒、55℃・30秒、72℃・30秒~1分のサイクルを30サイクル行い、さらに72℃で1分間保持した。増幅されたDNA断片をTOPOクローニングキット(インビトロジェン株式会社)を用いてPCR IIベクターにサブクローニングし、シーケンスを確認した。サブクローニングしたΔ15不飽和化酵素遺伝子の開始コドンより5塩基下流~591bpまでのDNA断片に対して*BamHI*、*XhoI*認識配列を付加した断片と、5塩基下流~791bpまでのDNA断片に対して*SacI*、*XhoI*認識配列を付加した断片とをPCRにより増幅、精製した。

【0130】

この際用いたプライマーは、上記の約 591 bp 断片についてはプライマー S O Y F 1 - B (5' -TGGCCTGGGATCCTTAAAGACACAAAGCCTTTA-3') (配列番号 13) と、S O Y R 1 - X (5' -GCACATCTCGAGGGATTGAAGTGAGAGCCTTC-3') (配列番号 14) とを用いた。また、上記の約 791 bp 断片については、プライマー S O Y F 2 - S (5' -GTCTGCGAGCTCTTAAAGACACAAAGCCTTTA-3') (配列番号 15) と、S O U R 2 - X (5' -CATCATCTCGAGGGTG GTGACCATGGTGATGC-3') (配列番号 16) とを用いた。

【0131】

これら 2 種類の DNA 断片が、ヘアピン構造を作るように逆位に B a m H I - X h o I - S a c I で連結し、コングリシニンプロモーターと n o s ターミネーターとの間に B a m H I、S a c I サイトに挿入し RNA i カセットを作製した (p S P B 1876)。この p S P B 1876 から Δ 15 RNA i カセットを切り出し、p S P B 1852 の A s c I サイトに挿入し、p S P B 1877 を作製した。

【0132】

また、p S P B 1877 は、図 2 に示す手順でも作製することができる。具体的には、まず、p U C S A P F 2.7 k b p の S g f I - A s c I サイトに G L E L O 遺伝子断片 (図中 C o n で示すコングリシニンのプロモーターと、図中 m a s で示すモノピン合成酵素遺伝子ターミネーターとの間に G L E L O c DNA が連結されている断片) を、また A s c I - P a c I サイトに Δ 6 不飽和化酵素遺伝子断片 (C o n と m a s との間に Δ 6 不飽和化酵素 c DNA が連結している断片) を、また P a c I - F s e I サイトに Δ 5 不飽和化酵素 (C o n と m a s との間に Δ 5 不飽和化酵素 c DNA が連結している断片) を導入し、p S P B 1944 を作製した。次いで、p S P B 1944 を S g f I と F s e I とで処理して、S g f I サイトに 35 S プロモーター-緑色蛍光タンパク質遺伝子-n o s ターミネーターからなる G F P カセットを、F s e I サイトに 35 S プロモーター-ハイグロマイシン耐性遺伝子-n o s ターミネーターからなる H P T カセットを導入し、p S B 1852 を作製した。最後に、Δ 15 RNA i カセットを、p S P B 1852 の A s c I サイトに挿入し、p S P B 1877 を作製した。

【0133】

このように作製した p S B 1877 の全体図を図 3 に示す。このように、p S B 1877 には、G F P カセット、G L E L O、Δ 15 RNA i カセット、Δ 6 不飽和化酵素、Δ 5 不飽和化酵素、H P T カセットが連結されており、多重遺伝子を発現するベクターとなっている。

【0134】

〔V I〕ダイズの形質転換および発現解析

p S P B 1877 を導入したダイズ不定胚を未成熟と成熟との 2 ステージでサンプリングし、多重遺伝子の導入・発現解析を行った。具体的には以下のように行った。

【0135】

ゲノム DNA および RNA をそれぞれ DNeasy Plant Mini Kit と RNeasy Plant Mini Kit (株式会社キアゲン) とを用いることにより調製した。抽出した DNA 200 ng を鋳型に、P C R 反応を行った。この際使用したプライマーは、d e t 6 f 3 (5' -TGGTGGAA GGACAAGCACAA-3') (配列番号 17) と d e t 6 r 2 (5' -ACAGACCAGGGTGAACATCA-3') (配列番号 18)、プライマー d e t 5 f 4 (5' -CTTTGGATCCTTGATCGCCT-3') (配列番号 19) と d e t 5 r 3 (5' -AGAACATGACGGTGTGCCAA-3') (配列番号 20)、プライマー X b a G L f (5' -CAGTTCTAGAGCCTTCTCACATTCCC-3') (配列番号 21) と S a c G L r (5' -AGTCGAGCTCTTACTGCAACTTCCTT-3') (配列番号 22)、プライマー H P T f 1 (5' -CCTGCGGGTAAATAGCTGCG-3') (配列番号 23) と H P T r 1 (5' -CGTCAACCAAGCTCTG ATAG-3') (配列番号 24)、プライマー E G F P - F 1 (5' -ATGGTGAGCAAGGGCGAGGA-3') (配列番号 25) と E G F P - R 1 (5' -AATGAACATGTCGAGCAGGTA-3') (配列番号 26) を用いた。

【0136】

P C R 反応は、酵素に E x T a q (タカラバイオ株式会社) を用い、94℃で 2 分間保

持した後、94℃・30秒、55℃・30秒、72℃・30秒～1分のサイクルを30サイクル行い、さらに72℃で1分間保持した。これらの結果から、pSPB1877を導入したダイズには $\Delta 6$ 不飽和化酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素、HPT遺伝子が導入されているが、GFP遺伝子は導入されていないことが明らかになった。抽出した全RNAを用いて前述のようにRT-PCRを行った。RT-PCRは逆転写産物を鋳型とし、プライマーdet6f3（配列番号17）とdet6r2（配列番号18）、プライマーdet5f4とdet5r3、プライマーGLEf（5'-GTGCTCGCTTATTTGGTCAC-3'）（配列番号27）とGLEr（5'-CGACATCATGCAGAACTGTG-3'）（配列番号28）を用いた。ゲノムDNAと同じサイクルでPCRを行い、遺伝子発現を解析した。その結果、pSPB1877形質転換ダイズでは、 $\Delta 6$ 不飽和化酵素、 $\Delta 5$ 不飽和化酵素、脂肪酸鎖長延長酵素の発現が確認された。

【0137】

〔VII〕形質転換ダイズの脂質分析

pSPB1877形質転換ダイズの成熟胚1gから上記〔I〕欄の方法に従って脂質を抽出し、ガスクロマトグラフィーおよび質量分析装置によって、脂肪酸の解析を行った。その結果を下記表2に示す。

【0138】

【表2】

	Control (%)	pSPB1877 (%)
リノール酸	56.28	43.96
α リノレン酸	7.6	6.52
γ リノレン酸	0	2.77
ジホモ γ リノレン酸	0	1.73
アラキドン酸	0	2.1

表2に示すように、pSPB1877形質転換ダイズの成熟胚では本来ダイズでは合成されない γ -リノレン酸、ジホモ γ -リノレン酸、アラキドン酸がそれぞれ全脂肪酸に対して、2.77%、1.73%、2.10%の割合で合成されていた。なお、宿主ダイズの脂質には、 γ -リノレン酸、ジホモ γ -リノレン酸、アラキドン酸は含まれていなかった。

【0139】

以上の結果より、本発明に係る植物体の生産方法によれば、ダイズでアラキドン酸を生産することが可能になった。

【産業上の利用可能性】

【0140】


上述したように、本発明に係る油脂原料植物の生産方法によれば、本来、高等植物で生産されなかったアラキドン酸を含有する植物体を得ることができる。この植物体からアラキドン酸を大量かつ簡易に取得することができるため、このアラキドン酸を用いて、健康食品や医薬品の製造・販売が可能となる。すなわち、本発明では、食品産業、製薬産業およびその関連産業に利用可能である。また、本発明は、植物体へ新たな付加価値を与えるものであるため、農業分野への利用も可能である。

【図面の簡単な説明】

【0141】

【図1】高度不飽和脂肪酸の生合成経路を模式的に示す図である。

【図2】本実施の形態に係るプラスミドベクターpSPB1877の作製工程を模式



的に示す図である。

【図 3】本実施の形態に係るプラスミドベクター p S P B 1 8 7 7 の全体を模式的に示す図である。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> SUNTORY LIMITED

<120> The method for produceing plants included arachidonic acid, the plants produced by that method, and the use

<130> P030099

<140>

<141>

<160> 28

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 457

<212> PRT

<213> Mortierella alpina

<400> 1

Met	Ala	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Arg	Thr	Phe	Thr	Arg	Ala	Glu	Ile	Leu
1				5				10					15		

Asn	Ala	Glu	Ala	Leu	Asn	Glu	Gly	Lys	Lys	Asp	Ala	Glu	Ala	Pro	Phe
		20						25					30		

Leu	Met	Ile	Ile	Asp	Asn	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Arg	Glu	Phe	Val	Pro
		35					40					45			

Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ile	Leu	Thr	His	Val	Gly	Lys	Asp	Gly
	50					55				60					

Thr	Asp	Val	Phe	Asp	Thr	Phe	His	Pro	Glu	Ala	Ala	Trp	Glu	Thr	Leu
65					70					75				80	

Ala	Asn	Phe	Tyr	Val	Gly	Asp	Ile	Asp	Glu	Ser	Asp	Arg	Ala	Ile	Lys
			85						90					95	

Asn	Asp	Asp	Phe	Ala	Ala	Glu	Val	Arg	Lys	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Gln
			100					105					110		

Ser	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Ser	Lys	Ala	Tyr	Tyr	Ala	Phe	Lys	Val
		115					120					125			

Ser	Phe	Asn	Leu	Cys	Ile	Trp	Gly	Leu	Ser	Thr	Phe	Ile	Val	Ala	Lys
		130				135					140				

Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu
 145 150 155 160
 Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
 165 170 175
 His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
 180 185 190
 Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
 195 200 205
 His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
 210 215 220
 Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
 225 230 235 240
 Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe
 245 250 255
 Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala
 260 265 270
 Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Met Phe Val Leu Pro Asn Gly
 275 280 285
 Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu
 290 295 300
 Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe
 305 310 315 320
 Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Ile Val Tyr Phe Leu Val Ser
 325 330 335
 Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His
 340 345 350
 Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe
 355 360 365
 Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
 370 375 380
 Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
 405 410 415

Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
420 425 430

Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
435 440 445

Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
450 455

<210> 2
<211> 1371
<212> DNA
<213> Mortierella alpina

<400> 2
atggctgctg ctcccagtggt gaggacgttt actcgggccg agattttgaa tgccgaggcc 60
ctgaatgagg gcaagaagga tgccgaggca ccctttctga tgatcattga caacaagggtg 120
tacgatgtcc gcgagtttgt ccctgatcat cccggtggaa gtgtgattct cacgcacgtt 180
ggcaaggacg gcactgacgt ctttgacact ttccaccccg aggctgcttg ggagactctt 240
gccaaacttt acgttggtga tattgatgag agcgatcgtg ccatcaagaa tgatgacttt 300
gcggccgagg ttcgcaagct gcgcaccttg ttccagtccc ttggctacta cgactcgtcc 360
aaggcatact atgccttcaa ggtctcgttc aacctctgca tctggggctt gtcgactttc 420
attgttgcca agtggggcca gacctcgacc ctgcacaacg tgctctcggc tgcgctcttg 480
ggtctcttct ggcagcagtg cggatggttg gcgcacgact ttttgcacca ccaggctctc 540
caggaccgtt tctggggtga tcttttcggc gccttcttgg gaggtgtctg ccagggtttc 600
tcgtcctcct ggtggaagga caagcacaac actcaccacg ctgctcccaa cgtccacggc 660
gaggatcccg acattgacac tcacctctg ttgacctgga gtgagcatgc tctggagatg 720
ttctcggatg ttcttgacga ggagctgacc cgtatgtggt cgcgcttcat ggtcctcaac 780
cagacctggt tctacttccc cattctctcg ttgcccgtc tgtcctggtg cctccagtcc 840
attatgtttg ttctgcccac cggtcaggcc cacaagccct ctggagcgcg tgtgcccatt 900
tcgttggtcg agcagctgtc tctggctatg cactggacct ggtacctgc caccatgttc 960
ctgttcatta aggatcccgt caacatgatt gtgtactttt tgggtgtcga ggctgtttgc 1020
ggcaacttgt tggcgattgt gttctcgtc aaccacaacg gcatgcctgt gatctccaag 1080
gaggaagcgg tcgatatgga cttcttcacc aagcagatca tcacgggtcg tgatgttcac 1140
cctggtctgt ttgccaactg gttcacgggt ggattgaact accagattga gcaccacttg 1200
ttcccttcga tgccccgcca caacttttca aagatccagc ctgctgtcga gactttgtgc 1260
aaaaagtacg gtgtccgata ccataccact ggtatgatcg agggaaactgc agaggctttt 1320
agccgtttga acgaggtctc caaggcggcc tccaagatgg gcaaggcaca g 1371

<210> 3
<211> 318
<212> PRT
<213> Mortierella alpina

<400> 3
Met Glu Ser Ile Ala Gln Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
1 5 10 15

Phe Ile Asp Leu Ala Arg Ala Ile Gly Val Gln Ala Ala Pro Tyr Val
20 25 30

Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Phe Phe Pro
35 40 45

Thr Val Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
50 55 60

Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
65 70 75 80

Ala Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
85 90 95

Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Phe His Asn Phe
100 105 110

Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
115 120 125

Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
130 135 140

Val Gln Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
145 150 155 160

Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
165 170 175

Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
180 185 190

Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
195 200 205

Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
210 215 220

Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225 230 235 240

Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Ile Gln
245 250 255

Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
260 265 270

Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu

275 280 285
Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
290 295 300

Ala Lys Ile Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305 310 315

<210> 4
<211> 954
<212> DNA
<213> *Mortierella alpina*

<400> 4							
atggagtcga	ttgcgcaatt	cctccccctca	aagatgccgc	aagatctgtt	tattgacctt	60	
gcaagggcca	tcggtgtcca	ggccgcaccc	tatgtcgacc	ctctcgaggc	agcgcttgtg	120	
gcccaggccg	agaagtctct	ccccacggtc	gttcatcaca	cgcgcggctt	tttggtcgcg	180	
gtcgagtcac	ccttggcccc	tgagctgccc	ttgatgaacc	ccttccacgt	gctgttgatc	240	
gcgctcgctt	acttgggtcac	ggtcttttgt	ggcatgcaga	tcatgaagaa	ctttgaacgg	300	
ttcgagggtca	agacgttctc	gctctttccac	aacttttgtc	tggctctgat	cagtgcctac	360	
atgtgcggcg	ggatcttgta	cgaggcttac	caggccaact	atggactgtt	tgagaacgcg	420	
gccgatcata	ccgtccaggg	tcttcttatg	gccaagatga	tctggctctt	ctacttctcc	480	
aagatcatgg	agtttgtcga	caccatgatc	atggtcctta	agaagaacaa	ccgccagatc	540	
tcgttcttgc	acgtctacca	ccacagctcc	atcttcacca	tctggtggtt	ggtcaccttt	600	
gttgcaccca	atgggtgaagc	ctacttctcg	gctgcgttga	actcgttcat	ccacgtgatc	660	
atgtacggct	actacttctt	gtccgccttg	ggcttcaagc	aggtgtcggt	catcaagttc	720	
tacatcacgc	gttcgcagat	gacgcagttc	tgcatgatgt	cgatccagtc	ctcctggggac	780	
atgtatgcc	tgaagggtgct	tggccgcccc	ggataccctt	tcttcatcac	cgccttgcct	840	
tggttctaca	tgtggaccat	gctcggactc	ttctacaact	tctacagaaa	gaacgccaag	900	
ttggccaagc	aggccaagat	cgatgctgcc	aaggagaagg	caagggaagt	gcag	954	

<210> 5
<211> 446
<212> PRT
<213> Mortierella alpina

<400> 5
Met Gly Thr Asp Gln Gly Lys Thr Phe Thr Trp Gln Glu Leu Ala Ala
1 5 10 15

His Asn Thr Glu Asp Ser Leu Leu Leu Ala Ile Arg Gly Asn Val Tyr
20 25 30

Asp Val Thr Lys Phe Leu Ser Arg His Pro Gly Gly Thr Asp Thr Leu
35 40 45

Leu Leu Gly Ala Gly Arg Asp Val Thr Pro Val Phe Glu Met Tyr His
50 55 60

Glu Phe Gly Ala Ala Glu Ala Ile Met Lys Lys Tyr Tyr Val Gly Thr
65 70 75 80

Leu Val Ser Asn Glu Leu Pro Ile Phe Pro Glu Pro Thr Val Phe His
85 90 95

Lys Thr Ile Lys Gly Arg Val Glu Ala Tyr Phe Lys Asp Arg Asn Met
100 105 110

Asp Ser Lys Asn Arg Pro Glu Ile Trp Gly Arg Tyr Ala Leu Ile Phe
115 120 125

Gly Ser Leu Ile Ala Ser Tyr Tyr Ala Gln Leu Phe Val Pro Phe Val
130 135 140

Val Glu Arg Thr Trp Leu Gln Val Val Phe Ala Ile Ile Met Gly Phe
145 150 155 160

Ala Cys Ala Gln Val Gly Leu Asn Pro Leu His Asp Ala Ser His Phe
165 170 175

Ser Val Thr His Asn Pro Thr Val Trp Lys Ile Leu Gly Ala Thr His
180 185 190

Asp Phe Phe Asn Gly Ala Ser Tyr Leu Val Trp Met Tyr Gln His Met
195 200 205

Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Ile Ala Gly Ala Asp Pro Asp Val
210 215 220

Ser Thr Ser Glu Pro Asp Val Arg Arg Ile Lys Pro Asn Gln Lys Trp
225 230 235 240

Phe Val Asn His Ile Asn Gln His Met Phe Val Pro Phe Leu Tyr Gly
245 250 255

Leu Leu Ala Phe Lys Val Arg Ile Gln Asp Ile Asn Ile Leu Tyr Phe
260 265 270

Val Lys Thr Asn Asp Ala Ile Arg Val Asn Pro Ile Ser Thr Trp His
275 280 285

Thr Val Met Phe Trp Gly Gly Lys Ala Phe Phe Val Trp Tyr Arg Leu
290 295 300

Ile Val Pro Met Gln Tyr Leu Pro Leu Ser Lys Val Leu Leu Leu Phe
305 310 315 320

Thr Val Ala Asp Met Val Ser Ser Tyr Trp Leu Ala Leu Thr Phe Gln

325 330 335
 Ala Asn His Val Val Glu Glu Val Gln Trp Pro Leu Pro Asp Glu Asn
 340 345 350
 Gly Ile Ile Gln Lys Asp Trp Ala Ala Met Gln Val Glu Thr Thr Gln
 355 360 365
 Asp Tyr Ala His Asp Ser His Leu Trp Thr Ser Ile Thr Gly Ser Leu
 370 375 380
 Asn Tyr Gln Ala Val His His Leu Phe Pro Asn Val Ser Gln His His
 385 390 395 400
 Tyr Pro Asp Ile Leu Ala Ile Ile Lys Asp Thr Cys Ser Glu Tyr Lys
 405 410 415
 Val Pro Tyr Leu Val Lys Asp Thr Phe Trp Gln Ala Phe Ala Ser His
 420 425 430
 Leu Glu His Leu Arg Val Leu Gly Leu Arg Pro Lys Glu Glu
 435 440 445

<210> 6

<211> 1338

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<400> 6

atgggtacgg accaaggaaa aaccttcacc tggcaagaac tcgcggcgca taacaccgag 60
 gacagcctcc ttttggctat ccgtggcaat gtatacgatg tcacaaagtt cttgagccgt 120
 catcctgggtg gaacggatac tctcttgctc ggagctggcc gagatgtcac tccggttttt 180
 gagatgtacc acgagtttgg agctgcagag gctatcatga agaagtacta tgttggcaca 240
 ctggtctcaa atgagttgcc catcttccca gagccaacgg tgttccataa gaccatcaag 300
 ggcagagttg aggcatactt taaggaccgg aacatggatt ccaagaacag accagagatc 360
 tggggacgat atgctctcat ctttggatcc ttgatcgctt cttactacgc gcagctcttt 420
 gtaccgttcg tggctgaacg tacatggctc caggtgggtgt ttgctatcat catgggattt 480
 gcgtgcgcgc aagtcggatt gaacctctt cacgatgcct cccacttttc agtgaccac 540
 aacccaccg tttggaagat tctcggagcc acgcacgact ttttcaacgg agcatcgtat 600
 ctcgtgtgga tgtaccaaca tatgctcggc catcatccct ataccaacat tgctggagct 660
 gatcccgatg tgtcgacctc tgagcccgat gttcgtcgta tcaagcccaa ccaaaagtgg 720
 ttcgtcaacc acatcaacca gcacatgttt gttcctttcc tgtacggact gctggcgttc 780
 aagggtgcgca tccaggacat caacatcttg tactttgtca agaccaatga cgccattcgt 840
 gtcaacccca tctcgacttg gcacaccgtc atgttctggg gcggaaaggc cttctttgtc 900
 tggtagcgct tgatcgttcc tatgcagtat ctgcccctga gcaagggtgt gctcttgttt 960
 accgtcgcag acatggtctc ttcttactgg ctggcgctga ccttcaggc gaaccacgtt 1020
 gttgaggagg ttcagtggcc attgcctgat gagaatggaa tcatccaaaa ggattgggca 1080
 gccatgcagg tcgagactac tcaggattac gccacgatt cgcacctctg gaccagcatc 1140
 acgggcagct tgaactacca agccgttcat catctgttcc cgaacgtttc ccagcatcac 1200

taccctgata³ tcctggctat catcaaggac acctgcagcg agtacaaggt gccatacctc 1260
gtcaaggata ccttttggca agcgtttgct tcacatttgg agcacttgcg tgtgcttggt 1320
cttcgtccca aggaagag 1338

<210> 7
<211> 26
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer
Hincprof

<400> 7
agtcaagctt aattcaaaca aaaacg 26

<210> 8
<211> 26
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer
XbaCpror

<400> 8
cagttctaga aaattcttta atacgg 26

<210> 9
<211> 26
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer Sacmasf

<400> 9
agtcgagctc cagcttcctt gaaacc 26

<210> 10
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer Ecomasr

<400> 10
catcatctcg aggggtggtga ccatggtgat cgc

33

<210> 11
<211> 27
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer
det15-2-fl

<400> 11
atggttaaag acacaaagcc tttagcc

27

<210> 12
<211> 22
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer
det15-2-rl

<400> 12
tcagtctcgt tgcgagtgga gg

22

<210> 13
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer SOYF1-B

<400> 13
tggcctggga tccttaaaga cacaaagcct tta

33

<210> 14
<211> 32
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer SOYR1-X

<400> 14
gcacatctcg agggattgaa gtgagagcct tc

32

<210> 15
<211> 32
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer SOYF2-S

<400> 15
gtctgcgagc tcttaaagac acaaagcctt ta

32

<210> 16
<211> 32
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer SOUR2-X

<400> 16
catcatctcg aggggtggtga ccatggtgat gc

32

<210> 17
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer det6f3

<400> 17
tggtggaagg acaagcaca

20

<210> 18
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer det6r2

<400> 18

acagaccagg gtgaacatca

20

<210> 19

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer det5f4

<400> 19

ctttggatcc ttgatcgctt

20

<210> 20

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer det5r3

<400> 20

agaacatgac ggtgtgccaa

20

<210> 21

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer XbaGLf

<400> 21

cagttctaga gccttctcac attccc

26

<210> 22

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer SacGLr

<400> 22

agtcgagctc ttactgcaac ttcctt

26

<210> 23
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer HPTf1

<400> 23
cctgcgggta aatagctgcg 20

<210> 24
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer HPTr1

<400> 24
cgtcaaccaa gctctgatag 20

<210> 25
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer EGFP-f1

<400> 25
atggtgagca agggcgagga 20

<210> 26
<211> 21
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer EGFP-R1

<400> 26
aatgaacatg tcgagcaggt a 21

<210> 27

<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer GLEf

<400> 27
gtgctcgctt atttggtcac

20

<210> 28
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Primer GLEr

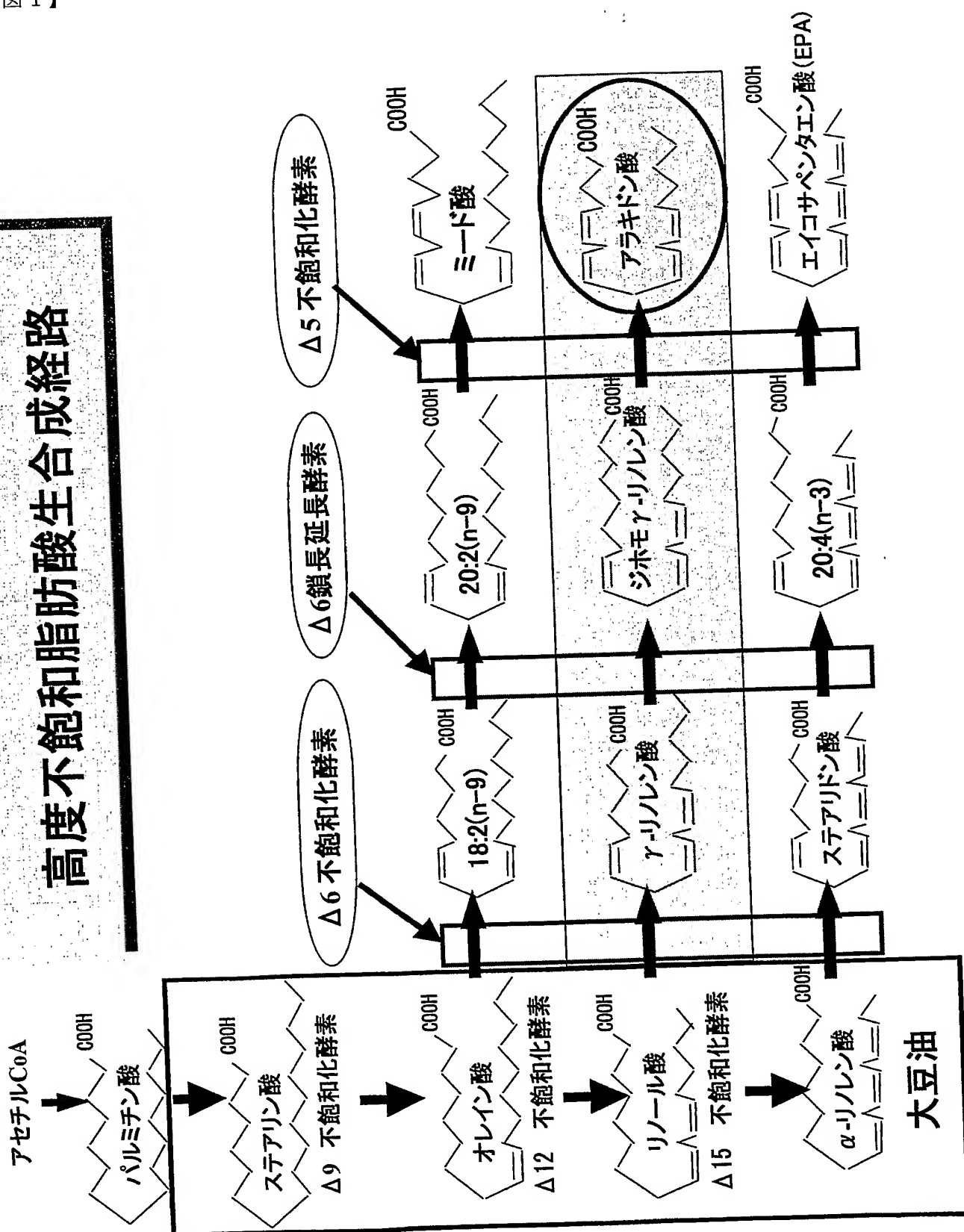
<400> 28
cgacatcatg cagaactgtg

20

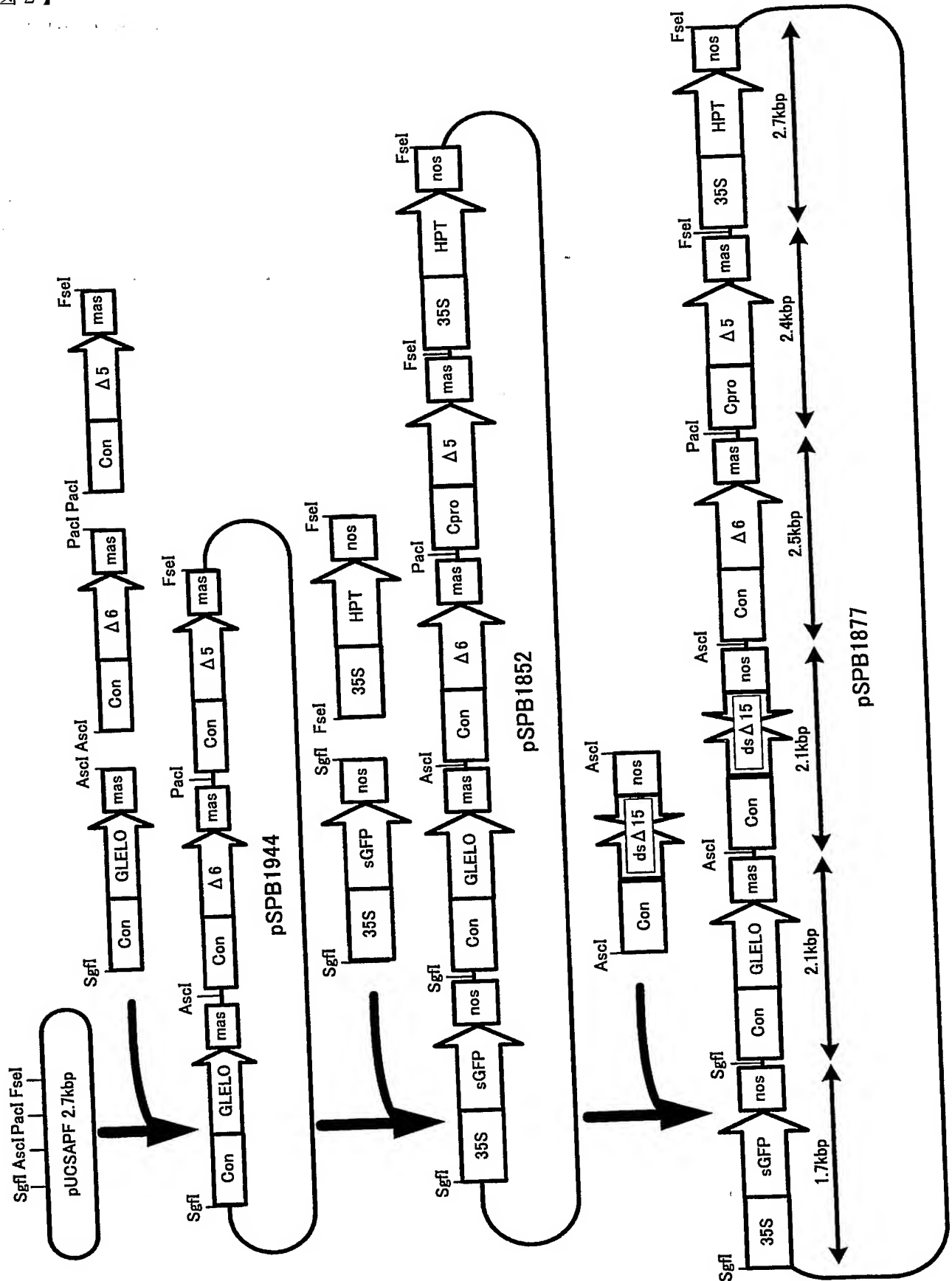
【書類名】 凶面

【図 1】

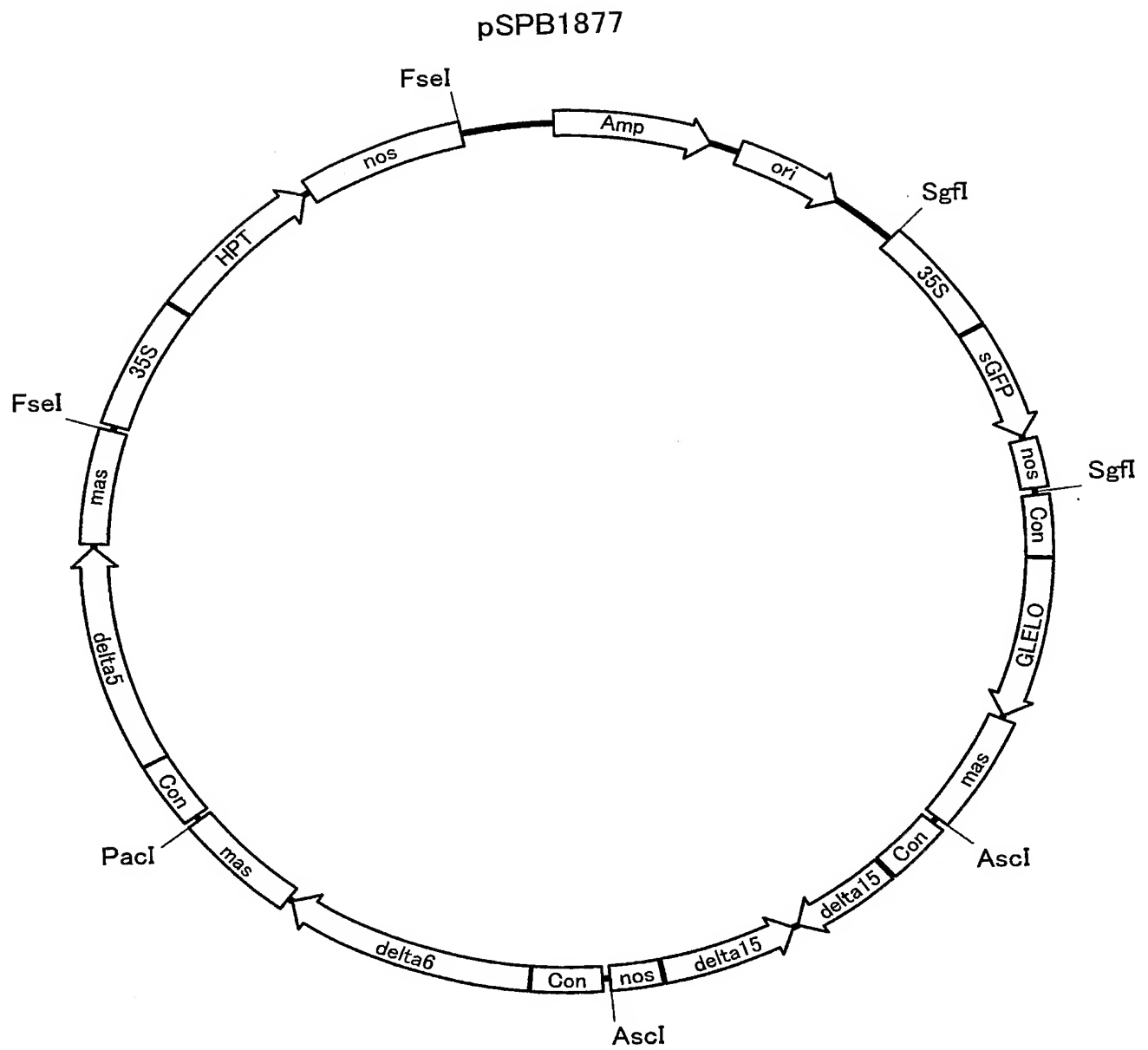
高度不飽和脂肪酸生成経路



【図 2】



【図 3】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 アラキドン酸を含有するアラキドン酸ダイズおよびその利用法を提供する。

【解決手段】 アラキドン酸生合成に関与する脂肪酸合成酵素を植物体に導入し、アラキドン酸を生産させるアラキドン酸生産工程を含む植物体の生産方法を用いて得られる油脂原料植物体によれば、簡便にアラキドン酸を含有するダイズを取得することができる。それゆえ、アラキドン酸を大量かつ安価に取得することができる。

【選択図】 なし

特願 2 0 0 3 - 4 1 9 1 2 4

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [0 0 0 0 0 1 9 0 4]

1. 変更年月日 1 9 9 0 年 8 月 1 3 日

[変更理由] 新規登録

住 所 大阪府大阪市北区堂島浜 2 丁目 1 番 4 0 号
氏 名 サントリー株式会社